

Rec'd PCT/PTO 18 FEB 2005
10/524105

PCT/JP03/10532

20.08.03

日 本 国 特 許 庁
JAPAN PATENT OFFICE

REC'D 10 OCT 2003

WIND PRT

別紙添付の書類に記載されている事項は下記の出願書類に記載されている事項と同一であることを証明する。

This is to certify that the annexed is a true copy of the following application as filed with this Office.

出 願 年 月 日
Date of Application: 2002年12月13日

出 願 番 号
Application Number: 特願2002-363108
[ST. 10/C]: [JP2002-363108]

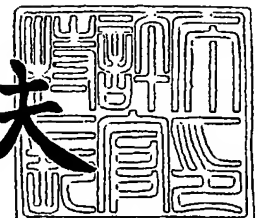
出 願 人
Applicant(s): 武田薬品工業株式会社

PRIORITY DOCUMENT
SUBMITTED OR TRANSMITTED IN
COMPLIANCE WITH
RULE 17.1(a) OR (b)

2003年 9月26日

特許庁長官
Commissioner,
Japan Patent Office

今井康夫



出証番号 出証特2003-3079286

【書類名】 特許願

【整理番号】 B02400

【提出日】 平成14年12月13日

【あて先】 特許庁長官殿

【国際特許分類】 A61K 38/00

【発明者】

【住所又は居所】 茨城県つくば市並木4丁目16番1号

【氏名】 石井 尚書

【発明者】

【住所又は居所】 茨城県つくば市春日1丁目7番地の9 武田春日ハイッ
1202号

【氏名】 山本 紅司

【発明者】

【住所又は居所】 茨城県稲敷郡阿見町阿見5351-5

【氏名】 砂原 英次

【発明者】

【住所又は居所】 茨城県つくば市花畑3丁目19番地9 メルモ301号

【氏名】 佐藤 秀司

【特許出願人】

【識別番号】 000002934

【氏名又は名称】 武田薬品工業株式会社

【代理人】

【識別番号】 100114041

【弁理士】

【氏名又は名称】 高橋 秀一

【選任した代理人】

【識別番号】 100106323

【弁理士】

【氏名又は名称】 関口 陽

【先の出願に基づく優先権主張】

【出願番号】 特願2002-240830

【出願日】 平成14年 8月21日

【整理番号】 B02271

【手数料の表示】

【予納台帳番号】 005142

【納付金額】 21,000円

【提出物件の目録】

【物件名】 明細書 1

【物件名】 図面 1

【物件名】 要約書 1

【包括委任状番号】 9909276

【包括委任状番号】 0203423

【プルーフの要否】 要

【書類名】 明細書

【発明の名称】 新規タンパク質および癌の予防・治療剤

【特許請求の範囲】

【請求項 1】 配列番号：4、配列番号：7、配列番号：15、配列番号：17、配列番号：20、配列番号：22、配列番号：25または配列番号：27で表されるアミノ酸配列と同一もしくは実質的に同一のアミノ酸配列を含有するタンパク質またはその塩。

【請求項 2】 配列番号：15、配列番号：17、配列番号：20、配列番号：22、配列番号：25または配列番号：27で表されるアミノ酸配列からなるタンパク質またはその塩。

【請求項 3】 請求項 1 記載のタンパク質の部分ペプチドまたはその塩。

【請求項 4】 請求項 1 記載のタンパク質またはその部分ペプチドをコードするポリヌクレオチドを含有するポリヌクレオチド。

【請求項 5】 DNAである請求項 4 記載のポリヌクレオチド。

【請求項 6】 配列番号：5、配列番号：8、配列番号：16、配列番号：18、配列番号：21、配列番号：23、配列番号：26または配列番号：28で表される塩基配列を含有する請求項 5 記載のポリヌクレオチド。

【請求項 7】 配列番号：16、配列番号：18、配列番号：21、配列番号：23、配列番号：26または配列番号：28で表される塩基配列からなるポリヌクレオチド。

【請求項 8】 請求項 4 記載のポリヌクレオチドを含有する組換えベクター。

【請求項 9】 請求項 8 記載の組換えベクターで形質転換された形質転換体。

【請求項 10】 請求項 9 記載の形質転換体を培養し、請求項 1 記載のタンパク質またはその部分ペプチドを生成・蓄積せしめることを特徴とする請求項 1 記載のタンパク質またはその部分ペプチドまたはその塩の製造法。

【請求項 11】 請求項 1 記載のタンパク質もしくはその部分ペプチドまたはその塩を含有してなる医薬。

【請求項 12】 請求項 4 記載のポリヌクレオチドを含有してなる医薬。

【請求項 13】 請求項 4 記載のポリヌクレオチドを含有してなる診断薬。

【請求項 14】請求項 1 記載のタンパク質もしくはその部分ペプチドまたはその塩に対する抗体。

【請求項 15】請求項 14 記載の抗体を含有してなる医薬。

【請求項 16】請求項 14 記載の抗体を含有してなる診断薬。

【請求項 17】請求項 4 記載のポリヌクレオチドに相補的または実質的に相補的な塩基配列またはその一部を含有するアンチセンスポリヌクレオチド。

【請求項 18】請求項 4 記載のアンチセンスポリヌクレオチドを含有してなる医薬。

【請求項 19】請求項 14 記載の抗体を用いることを特徴とする請求項 1 記載のタンパク質の定量方法。

【請求項 20】請求項 19 記載の定量方法を用いることを特徴とする請求項 1 記載のタンパク質の機能が関連する疾患の診断方法。

【請求項 21】請求項 1 記載のタンパク質もしくはその部分ペプチドまたはその塩を用いることを特徴とする、請求項 1 記載のタンパク質の活性を阻害する化合物またはその塩のスクリーニング方法。

【請求項 22】請求項 1 記載のタンパク質もしくはその部分ペプチドまたはその塩を含有してなる、請求項 1 記載のタンパク質の活性を阻害する化合物またはその塩のスクリーニング用キット。

【請求項 23】請求項 21 記載のスクリーニング方法または請求項 22 記載のスクリーニング用キットを用いて得られる、請求項 1 記載のタンパク質の活性を阻害する化合物またはその塩。

【請求項 24】請求項 4 記載のポリヌクレオチドを用いることを特徴とする、請求項 1 記載のタンパク質遺伝子の発現を阻害する化合物またはその塩のスクリーニング方法。

【請求項 25】請求項 4 記載のポリヌクレオチドを含有してなる、請求項 1 記載のタンパク質遺伝子の発現を阻害する化合物またはその塩のスクリーニング用キット。

【請求項 26】請求項 24 記載のスクリーニング方法または請求項 25 記載のスクリーニング用キットを用いて得られる、請求項 1 記載のタンパク質遺伝子の発

現を阻害する化合物またはその塩。

【請求項 27】 請求項 26 記載の化合物またはその塩を含有してなる医薬。

【請求項 28】 配列番号：1 または配列番号：10 で表されるアミノ酸配列と同一もしくは実質的に同一のアミノ酸配列を含有するタンパク質またはその部分ペプチドをコードするポリヌクレオチドの塩基配列に相補的もしくは実質的に相補的な塩基配列またはその一部を含有するアンチセンスポリヌクレオチド。

【請求項 29】 請求項 28 記載のアンチセンスポリヌクレオチドを含有してなる医薬。

【請求項 30】 請求項 28 記載のアンチセンスポリヌクレオチドを含有してなる診断薬。

【請求項 31】 配列番号：1 または配列番号：10 で表されるアミノ酸配列と同一もしくは実質的に同一のアミノ酸配列を含有するタンパク質またはその部分ペプチドまたはその塩に対する抗体。

【請求項 32】 請求項 31 記載の抗体を含有してなる医薬。

【請求項 33】 請求項 31 記載の抗体を含有してなる診断薬。

【請求項 34】 配列番号：1 または配列番号：10 で表されるアミノ酸配列と同一もしくは実質的に同一のアミノ酸配列を含有するタンパク質またはその部分ペプチドをコードするポリヌクレオチドを含有してなる診断薬。

【請求項 35】 癌の予防・治療剤である請求項 11、請求項 12、請求項 15、請求項 18、請求項 27、請求項 29 または請求項 32 記載の医薬。

【請求項 36】 癌の診断薬である請求項 13、請求項 16、請求項 30、請求項 33 または請求項 34 記載の診断薬。

【請求項 37】 配列番号：1、配列番号：4、配列番号：7、配列番号：10、配列番号：15、配列番号：17、配列番号：20、配列番号：22、配列番号：25 または配列番号：27 で表されるアミノ酸配列と同一もしくは実質的に同一のアミノ酸配列を含有するタンパク質もしくはその部分ペプチドまたはその塩の活性を阻害する化合物またはその塩を含有してなる癌の予防・治療剤。

【請求項 38】 配列番号：1、配列番号：4、配列番号：7、配列番号：10、配列番号：15、配列番号：17、配列番号：20、配列番号：22、配列番号

: 25 または配列番号: 27 で表されるアミノ酸配列と同一もしくは実質的に同一のアミノ酸配列を含有するタンパク質もしくはその部分ペプチドまたはその塩の遺伝子の発現を阻害する化合物またはその塩を含有してなる癌の予防・治療剤。

【請求項 39】 配列番号: 1、配列番号: 4、配列番号: 7、配列番号: 10、配列番号: 15、配列番号: 17、配列番号: 20、配列番号: 22、配列番号: 25 または配列番号: 27 で表されるアミノ酸配列と同一もしくは実質的に同一のアミノ酸配列を含有するタンパク質もしくはその部分ペプチドまたはその塩を用いることを特徴とする癌の予防・治療剤のスクリーニング方法。

【請求項 40】 配列番号: 1、配列番号: 4、配列番号: 7、配列番号: 10、配列番号: 15、配列番号: 17、配列番号: 20、配列番号: 22、配列番号: 25 または配列番号: 27 で表されるアミノ酸配列と同一もしくは実質的に同一のアミノ酸配列を含有するタンパク質もしくはその部分ペプチドまたはその塩を含有することを特徴とする癌の予防・治療剤のスクリーニング用キット。

【請求項 41】 請求項 39 記載のスクリーニング方法または請求項 40 記載のスクリーニング用キットを用いて得られうる癌の予防・治療剤。

【請求項 42】 配列番号: 1、配列番号: 4、配列番号: 7、配列番号: 10、配列番号: 15、配列番号: 17、配列番号: 20、配列番号: 22、配列番号: 25 または配列番号: 27 で表されるアミノ酸配列と同一もしくは実質的に同一のアミノ酸配列を含有するタンパク質またはその部分ペプチドをコードするポリヌクレオチドを用いることを特徴とする癌の予防・治療剤のスクリーニング方法。

【請求項 43】 配列番号: 1、配列番号: 4、配列番号: 7、配列番号: 10、配列番号: 15、配列番号: 17、配列番号: 20、配列番号: 22、配列番号: 25 または配列番号: 27 で表されるアミノ酸配列と同一もしくは実質的に同一のアミノ酸配列を含有するタンパク質またはその部分ペプチドをコードするポリヌクレオチドを含有することを特徴とする癌の予防・治療剤のスクリーニング用キット。

【請求項 44】 請求項 42 記載のスクリーニング方法または請求項 43 記載のス

クリーニング用キットを用いて得られうる癌の予防・治療剤。

【請求項 45】 アポトーシス促進剤である請求項 11、請求項 12、請求項 15、請求項 18、請求項 27、請求項 29 または請求項 32 記載の医薬。

【請求項 46】 配列番号：1、配列番号：4、配列番号：7、配列番号：10、配列番号：15、配列番号：17、配列番号：20、配列番号：22、配列番号：25 または配列番号：27 で表されるアミノ酸配列と同一もしくは実質的に同一のアミノ酸配列を含有するタンパク質もしくはその部分ペプチドまたはその塩を用いることを特徴とするアポトーシス促進剤のスクリーニング方法。

【請求項 47】 配列番号：1、配列番号：4、配列番号：7、配列番号：10、配列番号：15、配列番号：17、配列番号：20、配列番号：22、配列番号：25 または配列番号：27 で表されるアミノ酸配列と同一もしくは実質的に同一のアミノ酸配列を含有するタンパク質またはその部分ペプチドをコードするポリヌクレオチドを用いることを特徴とするアポトーシス促進剤のスクリーニング方法。

【発明の詳細な説明】

【0001】

【発明の属する技術分野】

本発明は、癌の予防・治療剤および診断薬などに関する。

【0002】

【従来の技術】

近年のマイクロアレイ・オリゴヌクレオチドアレイ技術の進歩により、遺伝子発現の網羅的な解析が可能となってきた。癌においても遺伝子のマイクロアレイプロファイリングデータでその病態が評価しうることも予見され、実際、白血病においては遺伝子発現プロファイルによる白血病の分類が可能であることが報告されている。また個々の癌組織の遺伝子発現プロファイルを明らかにし、その分類を積み重ねることによって、特定の癌治療法に対する反応性を予測したり特定の癌に対する新たな創薬標的タンパク質を発見したりすることが可能となると考えられる。具体的には、ある種の癌である種のタンパク質の発現亢進が認められる場合には、新たに抗原陽性と診断された患者に対して (i) その発現量を低下

させる、(ii) 機能を抑制する、(iii) 該タンパク質に対する宿主免疫応答を顕在化させる等の方法によって抗腫瘍活性を導くことが可能となる。これと同時に、抗原陰性と診断された患者に対しては別の治療法への切替が迅速に行えるなど、患者に無用な負担をかける懸念がなくなると予想される。以上のように発現プロファイル解析は、癌の分子診断と分子標的治療薬の開発に多大な貢献をなしうるものと期待されている。

一方、FLJ20539遺伝子（非特許文献1 GenBank Accession No. AK000546）は、ヒト胃癌細胞株KATOIII由来のライブラリーからクローニングされた遺伝子であり、774アミノ酸からなるタンパク質をコードしている（GenBank Accession No. BAA91245）。FLJ13515遺伝子（GenBank Accession No. AK023577）は、ヒト胎盤由来のライブラリーからクローニングされた遺伝子であり、639アミノ酸からなるタンパク質をコードしている（GenBank Accession No. BAB14613）。このタンパク質はFLJ20539遺伝子によってコードされるタンパク質の136番目から774番目までのアミノ酸配列に相当するアミノ酸配列を有しているが、440番目のアミノ酸はグルタミン酸からリジンに置換されている。さらに、これら2種類のヒト遺伝子に相同性を示すマウス遺伝子（GenBank Accession No. BC006896）がマウス乳がん組織由来のライブラリーからクローニングされており、1018アミノ酸からなるタンパク質をコードしている（GenBank Accession No. AAH06896）。このマウス遺伝子はFLJ13515遺伝子に対して塩基配列で約83%、アミノ酸配列で約86%の相同性を有している。

【0003】

【非特許文献1】

GenBank Accession No. AK000546

【0004】

【発明が解決しようとする課題】

癌細胞に特異的に発現する分子を標的とし、癌細胞の増殖阻害を誘導する安全な薬剤が切望されている。

【0005】

【課題を解決するための手段】

本発明者らは、上記の課題を解決するために鋭意研究を重ねた結果、癌組織で発現が顕著に増加する遺伝子を見出した。この知見に基づいて、さらに検討を重ねた結果、本発明を完成するに至った。

すなわち、本発明は、

(1) 配列番号：4、配列番号：7、配列番号：15、配列番号：17、配列番号：20、配列番号：22、配列番号：25または配列番号：27で表されるアミノ酸配列と同一もしくは実質的に同一のアミノ酸配列を含有するタンパク質またはその塩、

(2) 配列番号：15、配列番号：17、配列番号：20、配列番号：22、配列番号：25または配列番号：27で表されるアミノ酸配列からなるタンパク質またはその塩、

(3) 上記(1)記載のタンパク質の部分ペプチドまたはその塩、

(4) 上記(1)記載のタンパク質またはその部分ペプチドをコードするポリヌクレオチドを含有するポリヌクレオチド、

(5) DNAである上記(4)記載のポリヌクレオチド、

(6) 配列番号：5、配列番号：8、配列番号：16、配列番号：18、配列番号：21、配列番号：23、配列番号：26または配列番号：28で表される塩基配列を含有する上記(5)記載のポリヌクレオチド、

(7) 配列番号：16、配列番号：18、配列番号：21、配列番号：23、配列番号：26または配列番号：28で表される塩基配列からなるポリヌクレオチド、

(8) 上記(4)記載のポリヌクレオチドを含有する組換えベクター、

(9) 上記(8)記載の組換えベクターで形質転換された形質転換体、

(10) 上記(9)記載の形質転換体を培養し、上記(1)記載のタンパク質またはその部分ペプチドを生成・蓄積せしめることを特徴とする上記(1)記載のタンパク質またはその部分ペプチドまたはその塩の製造法、

(11) 上記(1)記載のタンパク質もしくはその部分ペプチドまたはその塩を含有してなる医薬、

(12) 上記(4)記載のポリヌクレオチドを含有してなる医薬、

(13) 上記(4)記載のポリヌクレオチドを含有してなる診断薬、

(14) 上記(1)記載のタンパク質もしくはその部分ペプチドまたはその塩に対する抗体、

(15) 上記(14)記載の抗体を含有してなる医薬、

(16) 上記(14)記載の抗体を含有してなる診断薬、

-- (17) 上記(4)記載のポリヌクレオチドに相補的または実質的に相補的な塩基配列またはその一部を含有するアンチセンスポリヌクレオチド、

(18) 上記(4)記載のアンチセンスポリヌクレオチドを含有してなる医薬、

(19) 上記(14)記載の抗体を用いることを特徴とする上記(1)記載のタンパク質の定量方法、

(20) 上記(19)記載の定量方法を用いることを特徴とする上記(1)記載のタンパク質の機能が関連する疾患の診断方法、

(21) 上記(1)記載のタンパク質もしくはその部分ペプチドまたはその塩を用いることを特徴とする、上記(1)記載のタンパク質の活性を阻害する化合物またはその塩のスクリーニング方法、

(22) 上記(1)記載のタンパク質もしくはその部分ペプチドまたはその塩を含有してなる、上記(1)記載のタンパク質の活性を阻害する化合物またはその塩のスクリーニング用キット、

(23) 上記(21)記載のスクリーニング方法または上記(22)記載のスクリーニング用キットを用いて得られる、上記(1)記載のタンパク質の活性を阻害する化合物またはその塩、

(24) 上記(4)記載のポリヌクレオチドを用いることを特徴とする、上記(1)記載のタンパク質遺伝子の発現を阻害する化合物またはその塩のスクリーニング方法、

(25) 上記(4)記載のポリヌクレオチドを含有してなる、上記(1)記載のタンパク質遺伝子の発現を阻害する化合物またはその塩のスクリーニング用キット、

(26) 上記(24)記載のスクリーニング方法または上記(25)記載のスクリーニング用キットを用いて得られる、上記(1)記載のタンパク質遺伝子の発

現を阻害する化合物またはその塩、

(27) 上記(26)記載の化合物またはその塩を含有してなる医薬、

(28) 配列番号: 1 または配列番号: 10 で表されるアミノ酸配列と同一もしくは実質的に同一のアミノ酸配列を含有するタンパク質またはその部分ペプチドをコードするポリヌクレオチドの塩基配列に相補的もしくは実質的に相補的な塩基配列またはその一部を含有するアンチセンスポリヌクレオチド、

(29) 上記(28)記載のアンチセンスポリヌクレオチドを含有してなる医薬、

(30) 上記(28)記載のアンチセンスポリヌクレオチドを含有してなる診断薬、

(31) 配列番号: 1 または配列番号: 10 で表されるアミノ酸配列と同一もしくは実質的に同一のアミノ酸配列を含有するタンパク質またはその部分ペプチドまたはその塩に対する抗体、

(32) 上記(31)記載の抗体を含有してなる医薬、

(33) 上記(31)記載の抗体を含有してなる診断薬、

(34) 配列番号: 1 または配列番号: 10 で表されるアミノ酸配列と同一もしくは実質的に同一のアミノ酸配列を含有するタンパク質またはその部分ペプチドをコードするポリヌクレオチドを含有してなる診断薬、

(35) 癌の予防・治療剤である上記(11)、(12)、(15)、(18)、(27)、(29)または(32)記載の医薬、

(36) 癌の診断薬である上記(13)、(16)、(30)、(33)または(34)記載の診断薬、

(37) 配列番号: 1、配列番号: 4、配列番号: 7、配列番号: 10、配列番号: 15、配列番号: 17、配列番号: 20、配列番号: 22、配列番号: 25 または配列番号: 27 で表されるアミノ酸配列と同一もしくは実質的に同一のアミノ酸配列を含有するタンパク質もしくはその部分ペプチドまたはその塩の活性を阻害する化合物またはその塩を含有してなる癌の予防・治療剤、

(38) 配列番号: 1、配列番号: 4、配列番号: 7、配列番号: 10、配列番号: 15、配列番号: 17、配列番号: 20、配列番号: 22、配列番号: 25

または配列番号：27で表されるアミノ酸配列と同一もしくは実質的に同一のアミノ酸配列を含有するタンパク質もしくはその部分ペプチドまたはその塩の遺伝子の発現を阻害する化合物またはその塩を含有してなる癌の予防・治療剤、

(39) 配列番号：1、配列番号：4、配列番号：7、配列番号：10、配列番号：15、配列番号：17、配列番号：20、配列番号：22、配列番号：25
または配列番号：27で表されるアミノ酸配列と同一もしくは実質的に同一のアミノ酸配列を含有するタンパク質もしくはその部分ペプチドまたはその塩を用いることを特徴とする癌の予防・治療剤のスクリーニング方法、

(40) 配列番号：1、配列番号：4、配列番号：7、配列番号：10、配列番号：15、配列番号：17、配列番号：20、配列番号：22、配列番号：25
または配列番号：27で表されるアミノ酸配列と同一もしくは実質的に同一のアミノ酸配列を含有するタンパク質もしくはその部分ペプチドまたはその塩を含有することを特徴とする癌の予防・治療剤のスクリーニング用キット、

(41) 上記(39)記載のスクリーニング方法または上記(40)記載のスクリーニング用キットを用いて得られうる癌の予防・治療剤、

(42) 配列番号：1、配列番号：4、配列番号：7、配列番号：10、配列番号：15、配列番号：17、配列番号：20、配列番号：22、配列番号：25
または配列番号：27で表されるアミノ酸配列と同一もしくは実質的に同一のアミノ酸配列を含有するタンパク質またはその部分ペプチドをコードするポリヌクレオチドを用いることを特徴とする癌の予防・治療剤のスクリーニング方法、

(43) 配列番号：1、配列番号：4、配列番号：7、配列番号：10、配列番号：15、配列番号：17、配列番号：20、配列番号：22、配列番号：25
または配列番号：27で表されるアミノ酸配列と同一もしくは実質的に同一のアミノ酸配列を含有するタンパク質またはその部分ペプチドをコードするポリヌクレオチドを含有することを特徴とする癌の予防・治療剤のスクリーニング用キット、

(44) 上記(42)記載のスクリーニング方法または上記(43)記載のスクリーニング用キットを用いて得られうる癌の予防・治療剤、

(45) アポトーシス促進剤である上記(11)、(12)、(15)、(18

)、(27)、(29)または(32)記載の医薬、

(46) 配列番号: 1、配列番号: 4、配列番号: 7、配列番号: 10、配列番号: 15、配列番号: 17、配列番号: 20、配列番号: 22、配列番号: 25 または配列番号: 27 で表されるアミノ酸配列と同一もしくは実質的に同一のアミノ酸配列を含有するタンパク質もしくはその部分ペプチドまたはその塩を用いることを特徴とするアポトーシス促進剤のスクリーニング方法、

(47) 配列番号: 1、配列番号: 4、配列番号: 7、配列番号: 10、配列番号: 15、配列番号: 17、配列番号: 20、配列番号: 22、配列番号: 25 または配列番号: 27 で表されるアミノ酸配列と同一もしくは実質的に同一のアミノ酸配列を含有するタンパク質またはその部分ペプチドをコードするポリヌクレオチドを用いることを特徴とするアポトーシス促進剤のスクリーニング方法などを提供する。

【0006】

本発明で用いられる配列番号: 1、配列番号: 4、配列番号: 7、配列番号: 10、配列番号: 15、配列番号: 17、配列番号: 20、配列番号: 22、配列番号: 25 または配列番号: 27 で表されるアミノ酸配列と同一もしくは実質的に同一のアミノ酸配列を含有するタンパク質（以下、本発明のタンパク質または本発明で用いられるタンパク質と称することもある）は、ヒトや温血動物（例えば、モルモット、ラット、マウス、ニワトリ、ウサギ、ブタ、ヒツジ、ウシ、サルなど）の細胞（例えば、肝細胞、脾細胞、神経細胞、グリア細胞、脾臓β細胞、骨髄細胞、メサングウム細胞、ランゲルハンス細胞、表皮細胞、上皮細胞、杯細胞、内皮細胞、平滑筋細胞、繊維芽細胞、繊維細胞、筋細胞、脂肪細胞、免疫細胞（例、マクロファージ、T細胞、B細胞、ナチュラルキラー細胞、肥満細胞、好中球、好塩基球、好酸球、単球）、巨核球、滑膜細胞、軟骨細胞、骨細胞、骨芽細胞、破骨細胞、乳腺細胞、肝細胞もしくは間質細胞、またはこれら細胞の前駆細胞、幹細胞もしくは癌細胞など）もしくはそれらの細胞が存在するあらゆる組織、例えば、脳、脳の各部位（例、嗅球、扁桃核、大脳基底核、海馬、視床、視床下部、大脳皮質、延髄、小脳）、脊髄、下垂体、胃、脾臓、腎臓、肝臓、生殖腺、甲状腺、胆のう、骨髄、副腎、皮膚、筋肉、肺、消化管（例、大腸、

小腸)、血管、心臓、胸腺、脾臓、顎下腺、末梢血、前立腺、睾丸、卵巣、胎盤、子宮、骨、関節、骨格筋などに由来するタンパク質であってもよく、合成タンパク質であってもよい。

【0007】

配列番号：1で表されるアミノ酸配列と実質的に同一のアミノ酸配列としては、配列番号：1で表わされるアミノ酸配列と約70%以上、好ましくは約80%以上、特に好ましくは約90%以上、最も好ましくは約95%以上の相同性を有するアミノ酸配列などが挙げられる。

配列番号：1で表されるアミノ酸配列と実質的に同一のアミノ酸配列を含有するタンパク質としては、例えば、前記の配列番号：1で表されるアミノ酸配列と実質的に同一のアミノ酸配列を含有し、配列番号：1で表されるアミノ酸配列を含有するタンパク質と実質的に同質の活性を有するタンパク質などが好ましい。

配列番号：4で表されるアミノ酸配列と実質的に同一のアミノ酸配列としては、配列番号：4で表わされるアミノ酸配列と約70%以上、好ましくは約80%以上、特に好ましくは約90%以上、最も好ましくは約95%以上の相同性を有するアミノ酸配列などが挙げられる。例えば、配列番号：4で表わされるアミノ酸配列の47番目から296番目のアミノ酸配列に対して約70%以上、好ましくは約80%以上、特に好ましくは約90%以上、最も好ましくは約95%以上の相同性を有するアミノ酸配列なども挙げられる。

配列番号：4で表されるアミノ酸配列と実質的に同一のアミノ酸配列を含有するタンパク質としては、例えば、前記の配列番号：4で表されるアミノ酸配列と実質的に同一のアミノ酸配列を含有し、配列番号：4で表されるアミノ酸配列を含有するタンパク質と実質的に同質の活性を有するタンパク質などが好ましい。

配列番号：7で表されるアミノ酸配列と実質的に同一のアミノ酸配列としては、配列番号：7で表わされるアミノ酸配列と約70%以上、好ましくは約80%以上、特に好ましくは約90%以上、最も好ましくは約95%以上の相同性を有するアミノ酸配列などが挙げられる。例えば、配列番号：7で表わされるアミノ酸配列の577番目から594番目のアミノ酸配列に対して約70%以上、好ましくは約80%以上、特に好ましくは約90%以上、最も好ましくは約95%以

上の相同性を有するアミノ酸配列なども挙げられる。

配列番号：7で表されるアミノ酸配列と実質的に同一のアミノ酸配列を含有するタンパク質としては、例えば、前記の配列番号：7で表されるアミノ酸配列と実質的に同一のアミノ酸配列を含有し、配列番号：7で表されるアミノ酸配列を含有するタンパク質と実質的に同質の活性を有するタンパク質などが好ましい。

配列番号：10で表されるアミノ酸配列と実質的に同一のアミノ酸配列としては、配列番号：10で表わされるアミノ酸配列と約70%以上、好ましくは約80%以上、特に好ましくは約90%以上、最も好ましくは約95%以上の相同性を有するアミノ酸配列などが挙げられる。

配列番号：10で表されるアミノ酸配列と実質的に同一のアミノ酸配列を含有するタンパク質としては、例えば、前記の配列番号：10で表されるアミノ酸配列と実質的に同一のアミノ酸配列を含有し、配列番号：10で表されるアミノ酸配列を含有するタンパク質と実質的に同質の活性を有するタンパク質などが好ましい。

配列番号：15で表されるアミノ酸配列と実質的に同一のアミノ酸配列としては、配列番号：15で表わされるアミノ酸配列と約70%以上、好ましくは約80%以上、特に好ましくは約90%以上、最も好ましくは約95%以上の相同性を有するアミノ酸配列などが挙げられる。例えば、配列番号：15で表わされるアミノ酸配列の47番目から296番目のアミノ酸配列に対して約70%以上、好ましくは約80%以上、特に好ましくは約90%以上、最も好ましくは約95%以上の相同性を有するアミノ酸配列なども挙げられる。

配列番号：15で表されるアミノ酸配列と実質的に同一のアミノ酸配列を含有するタンパク質としては、例えば、前記の配列番号：15で表されるアミノ酸配列と実質的に同一のアミノ酸配列を含有し、配列番号：15で表されるアミノ酸配列を含有するタンパク質と実質的に同質の活性を有するタンパク質などが好ましい。

配列番号：17で表されるアミノ酸配列と実質的に同一のアミノ酸配列としては、配列番号：17で表わされるアミノ酸配列と約70%以上、好ましくは約80%以上、特に好ましくは約90%以上、最も好ましくは約95%以上の相同性

を有するアミノ酸配列などが挙げられる。例えば、配列番号：17で表わされるアミノ酸配列の43番目から292番目のアミノ酸配列に対して約70%以上、好ましくは約80%以上、特に好ましくは約90%以上、最も好ましくは約95%以上の相同性を有するアミノ酸配列なども挙げられる。

配列番号：17で表されるアミノ酸配列と実質的に同一のアミノ酸配列を含有するタンパク質としては、例えば、前記の配列番号：17で表されるアミノ酸配列と実質的に同一のアミノ酸配列を含有し、配列番号：17で表されるアミノ酸配列を含有するタンパク質と実質的に同質の活性を有するタンパク質などが好ましい。

配列番号：20で表されるアミノ酸配列と実質的に同一のアミノ酸配列としては、配列番号：20で表わされるアミノ酸配列と約70%以上、好ましくは約80%以上、特に好ましくは約90%以上、最も好ましくは約95%以上の相同性を有するアミノ酸配列などが挙げられる。例えば、配列番号：20で表わされるアミノ酸配列の47番目から296番目のアミノ酸配列に対して約70%以上、好ましくは約80%以上、特に好ましくは約90%以上、最も好ましくは約95%以上の相同性を有するアミノ酸配列なども挙げられる。

配列番号：20で表されるアミノ酸配列と実質的に同一のアミノ酸配列を含有するタンパク質としては、例えば、前記の配列番号：20で表されるアミノ酸配列と実質的に同一のアミノ酸配列を含有し、配列番号：20で表されるアミノ酸配列を含有するタンパク質と実質的に同質の活性を有するタンパク質などが好ましい。

配列番号：22で表されるアミノ酸配列と実質的に同一のアミノ酸配列としては、配列番号：22で表わされるアミノ酸配列と約70%以上、好ましくは約80%以上、特に好ましくは約90%以上、最も好ましくは約95%以上の相同性を有するアミノ酸配列などが挙げられる。例えば、配列番号：22で表わされるアミノ酸配列の43番目から292番目のアミノ酸配列に対して約70%以上、好ましくは約80%以上、特に好ましくは約90%以上、最も好ましくは約95%以上の相同性を有するアミノ酸配列なども挙げられる。

配列番号：22で表されるアミノ酸配列と実質的に同一のアミノ酸配列を含有

するタンパク質としては、例えば、前記の配列番号：22で表されるアミノ酸配列と実質的に同一のアミノ酸配列を含有し、配列番号：22で表されるアミノ酸配列を含有するタンパク質と実質的に同質の活性を有するタンパク質などが好ましい。

配列番号：25で表されるアミノ酸配列と実質的に同一のアミノ酸配列としては、配列番号：25で表わされるアミノ酸配列と約70%以上、好ましくは約80%以上、特に好ましくは約90%以上、最も好ましくは約95%以上の相同性を有するアミノ酸配列などが挙げられる。例えば、配列番号：25で表わされるアミノ酸配列の47番目から296番目のアミノ酸配列に対して約70%以上、好ましくは約80%以上、特に好ましくは約90%以上、最も好ましくは約95%以上の相同性を有するアミノ酸配列なども挙げられる。

配列番号：25で表されるアミノ酸配列と実質的に同一のアミノ酸配列を含有するタンパク質としては、例えば、前記の配列番号：25で表されるアミノ酸配列と実質的に同一のアミノ酸配列を含有し、配列番号：25で表されるアミノ酸配列を含有するタンパク質と実質的に同質の活性を有するタンパク質などが好ましい。

配列番号：27で表されるアミノ酸配列と実質的に同一のアミノ酸配列としては、配列番号：27で表わされるアミノ酸配列と約70%以上、好ましくは約80%以上、特に好ましくは約90%以上、最も好ましくは約95%以上の相同性を有するアミノ酸配列などが挙げられる。例えば、配列番号：27で表わされるアミノ酸配列の43番目から292番目のアミノ酸配列に対して約70%以上、好ましくは約80%以上、特に好ましくは約90%以上、最も好ましくは約95%以上の相同性を有するアミノ酸配列なども挙げられる。

配列番号：27で表されるアミノ酸配列と実質的に同一のアミノ酸配列を含有するタンパク質としては、例えば、前記の配列番号：27で表されるアミノ酸配列と実質的に同一のアミノ酸配列を含有し、配列番号：27で表されるアミノ酸配列を含有するタンパク質と実質的に同質の活性を有するタンパク質などが好ましい。

【0008】

実質的に同質の活性としては、例えば、クロロパーオキシダーゼ活性などが挙げられる。実質的に同質とは、それらの性質が性質的に（例、生理学的に、または薬理学的に）同質であることを示す。したがって、クロロパーオキシダーゼ活性が同等（例、約 0.01～100 倍、好ましくは約 0.1～10 倍、より好ましくは 0.5～2 倍）であることが好ましいが、これらの活性の程度、タンパク質の分子量などの量的要素は異なってもよい。

クロロパーオキシダーゼ活性の測定は、公知の方法に準じて行えばよく、例えば、ジャーナル オブ バイオロジカル ケミストリー (J. Biol. Chem.) 241 巻、1763～1768 頁 (1966 年) などに記載の方法またはそれに準じる方法に従って測定することができる。

【0009】

また、本発明で用いられるタンパク質としては、例えば、①配列番号：1、配列番号：4、配列番号：7、配列番号：10、配列番号：15、配列番号：17、配列番号：20、配列番号：22、配列番号：25 または配列番号：27 で表されるアミノ酸配列中の 1 または 2 個以上（例えば 1～100 個程度、好ましくは 1～30 個程度、好ましくは 1～10 個程度、さらに好ましくは数（1～5）個）のアミノ酸が欠失したアミノ酸配列、②配列番号：1、配列番号：4、配列番号：7、配列番号：10、配列番号：15、配列番号：17、配列番号：20、配列番号：22、配列番号：25 または配列番号：27 で表されるアミノ酸配列に 1 または 2 個以上（例えば 1～100 個程度、好ましくは 1～30 個程度、好ましくは 1～10 個程度、さらに好ましくは数（1～5）個）のアミノ酸が付加したアミノ酸配列、③配列番号：1、配列番号：4、配列番号：7、配列番号：10、配列番号：15、配列番号：17、配列番号：20、配列番号：22、配列番号：25 または配列番号：27 で表されるアミノ酸配列に 1 または 2 個以上（例えば 1～100 個程度、好ましくは 1～30 個程度、好ましくは 1～10 個程度、さらに好ましくは数（1～5）個）のアミノ酸が挿入されたアミノ酸配列、④配列番号：1、配列番号：4、配列番号：7、配列番号：10、配列番号：15、配列番号：17、配列番号：20、配列番号：22、配列番号：25 または配列番号：27 で表されるアミノ酸配列中の 1 または 2 個以上（例えば 1～

100個程度、好ましくは1～30個程度、好ましくは1～10個程度、さらに好ましくは数(1～5)個)のアミノ酸が他のアミノ酸で置換されたアミノ酸配列、または⑤それらを組み合わせたアミノ酸配列を含有するタンパク質などのいわゆるムテインも含まれる。

上記のようにアミノ酸配列が挿入、欠失または置換されている場合、その挿入、欠失または置換の位置としては、とくに限定されない。

【0010】

本明細書におけるタンパク質は、ペプチド標記の慣例に従って左端がN末端(アミノ末端)、右端がC末端(カルボキシル末端)である。配列番号:1で表わされるアミノ酸配列を含有するタンパク質をはじめとする、本発明で用いられるタンパク質は、C末端がカルボキシル基($-\text{COOH}$)、カルボキシレート($-\text{COO}^-$)、アミド($-\text{CONH}_2$)またはエステル($-\text{COOR}$)の何れであってもよい。

ここでエステルにおけるRとしては、例えば、メチル、エチル、*n*-プロピル、イソプロピル、*n*-ブチルなどの C_{1-6} アルキル基、例えば、シクロペンチル、シクロヘキシルなどの C_{3-8} シクロアルキル基、例えば、フェニル、 α -ナフチルなどの C_{6-12} アリール基、例えば、ベンジル、フェネチルなどのフェニル- C_{1-2} アルキル基もしくは α -ナフチルメチルなどの α -ナフチル- C_{1-2} アルキル基などの C_{7-14} アラルキル基、ピバロイルオキシメチル基などが用いられる。

本発明で用いられるタンパク質がC末端以外にカルボキシル基(またはカルボキシレート)を有している場合、カルボキシル基がアミド化またはエステル化されているものも本発明で用いられるタンパク質に含まれる。この場合のエステルとしては、例えば上記したC末端のエステルなどが用いられる。

さらに、本発明で用いられるタンパク質には、N末端のアミノ酸残基(例、メチオニン残基)のアミノ基が保護基(例えば、ホルミル基、アセチル基などの C_{1-6} アルカノイルなどの C_{1-6} アシル基など)で保護されているもの、生体内で切断されて生成するN末端のグルタミン残基がピログルタミン酸化したもの、分子内のアミノ酸の側鎖上の置換基(例えば $-\text{OH}$ 、 $-\text{SH}$ 、アミノ基、イミダゾール基、インドール基、グアニジノ基など)が適当な保護基(例えば、ホルミル基

、アセチル基などのC₁₋₆アルカノイル基などのC₁₋₆アシル基など)で保護されているもの、あるいは糖鎖が結合したいわゆる糖タンパク質などの複合タンパク質なども含まれる。

本発明で用いられるタンパク質の具体例としては、例えば、配列番号: 1で表されるアミノ酸配列を含有するタンパク質、配列番号: 4で表されるアミノ酸配列を含有するタンパク質、配列番号: 7で表されるアミノ酸配列を含有するタンパク質、配列番号: 10で表されるアミノ酸配列を含有するタンパク質、配列番号: 15で表されるアミノ酸配列を含有するタンパク質、配列番号: 17で表されるアミノ酸配列を含有するタンパク質、配列番号: 20で表されるアミノ酸配列を含有するタンパク質、配列番号: 22で表されるアミノ酸配列を含有するタンパク質、配列番号: 25で表されるアミノ酸配列を含有するタンパク質、配列番号: 27で表されるアミノ酸配列を含有するタンパク質などがあげられる。

【0011】

本発明で用いられるタンパク質の部分ペプチドとしては、前記した本発明で用いられるタンパク質の部分ペプチドであって、好ましくは、前記した本発明で用いられるタンパク質と同様の性質を有するものであればいずれのものでもよい。

例えば、本発明で用いられるタンパク質の構成アミノ酸配列のうち少なくとも20個以上、好ましくは50個以上、さらに好ましくは70個以上、より好ましくは100個以上、最も好ましくは200個以上のアミノ酸配列を有するペプチドなどが用いられる。

また、本発明で用いられる部分ペプチドは、そのアミノ酸配列中の1または2個以上(好ましくは、1~10個程度、さらに好ましくは数(1~5)個)のアミノ酸が欠失し、または、そのアミノ酸配列に1または2個以上(好ましくは1~20個程度、より好ましくは1~10個程度、さらに好ましくは数(1~5)個)のアミノ酸が付加し、または、そのアミノ酸配列に1または2個以上(好ましくは1~20個程度、より好ましくは1~10個程度、さらに好ましくは数(1~5)個)のアミノ酸が挿入され、または、そのアミノ酸配列中の1または2個以上(好ましくは1~10個程度、より好ましくは数個、さらに好ましくは1~5個程度)のアミノ酸が他のアミノ酸で置換されていてもよい。

【0012】

また、本発明で用いられる部分ペプチドはC末端がカルボキシル基 ($-COOH$)、カルボキシレート ($-COO^-$)、アミド ($-CONH_2$) またはエステル ($-COOR$) の何れであってもよい。

さらに、本発明で用いられる部分ペプチドには、前記した本発明で用いられるタンパク質と同様に、C末端以外にカルボキシル基 (またはカルボキシレート) を有しているもの、N末端のアミノ酸残基 (例、メチオニン残基) のアミノ基が保護基で保護されているもの、N端側が生体内で切断され生成したグルタミン残基がピログルタミン酸化したもの、分子内のアミノ酸の側鎖上の置換基が適当な保護基で保護されているもの、あるいは糖鎖が結合したいわゆる糖ペプチドなどの複合ペプチドなども含まれる。

本発明で用いられる部分ペプチドは抗体作成のための抗原としても用いることができる。

【0013】

本発明で用いられるタンパク質または部分ペプチドの塩としては、生理学的に許容される酸 (例、無機酸、有機酸) や塩基 (例、アルカリ金属塩) などとの塩が用いられ、とりわけ生理学的に許容される酸付加塩が好ましい。このような塩としては、例えば、無機酸 (例えば、塩酸、リン酸、臭化水素酸、硫酸) との塩、あるいは有機酸 (例えば、酢酸、ギ酸、プロピオン酸、フマル酸、マレイン酸、コハク酸、酒石酸、クエン酸、リンゴ酸、蔞酸、安息香酸、メタンスルホン酸、ベンゼンスルホン酸) との塩などが用いられる。

本発明で用いられるタンパク質もしくはその部分ペプチドまたはその塩は、前述したヒトや温血動物の細胞または組織から自体公知のタンパク質の精製方法によって製造することもできるし、タンパク質をコードするDNAを含有する形質転換体を培養することによっても製造することができる。また、後述のペプチド合成法に準じて製造することもできる。

ヒトや哺乳動物の組織または細胞から製造する場合、ヒトや哺乳動物の組織または細胞をホモジナイズした後、酸などで抽出を行ない、該抽出液を逆相クロマトグラフィー、イオン交換クロマトグラフィーなどのクロマトグラフィーを組み

合わせることににより精製単離することができる。

【0014】

本発明で用いられるタンパク質もしくは部分ペプチドまたはその塩、またはそのアミド体の合成には、通常市販のタンパク質合成用樹脂を用いることができる。そのような樹脂としては、例えば、クロロメチル樹脂、ヒドロキシメチル樹脂、ベンズヒドリルアミン樹脂、アミノメチル樹脂、4-ベンジルオキシベンジルアルコール樹脂、4-メチルベンズヒドリルアミン樹脂、PAM樹脂、4-ヒドロキシメチルメチルフェニルアセトアミドメチル樹脂、ポリアクリルアミド樹脂、4-(2', 4'-ジメトキシフェニル-ヒドロキシメチル)フェノキシ樹脂、4-(2', 4'-ジメトキシフェニル-Fmocアミノエチル)フェノキシ樹脂などを挙げることができる。このような樹脂を用い、 α -アミノ基と側鎖官能基を適当に保護したアミノ酸を、目的とするタンパク質の配列通りに、自体公知の各種縮合方法に従い、樹脂上で縮合させる。反応の最後に樹脂からタンパク質または部分ペプチドを切り出すと同時に各種保護基を除去し、さらに高希釈溶液中で分子内ジスルフィド結合形成反応を実施し、目的のタンパク質もしくは部分ペプチドまたはそれらのアミド体を取得する。

上記した保護アミノ酸の縮合に関しては、タンパク質合成に使用できる各種活性化試薬を用いることができるが、特に、カルボジイミド類がよい。カルボジイミド類としては、DCC、N, N'-ジイソプロピルカルボジイミド、N-エチル-N'-(3-ジメチルアミノプロリル)カルボジイミドなどが用いられる。これらによる活性化にはラセミ化抑制添加剤（例えば、HOBt, HOOBt）とともに保護アミノ酸を直接樹脂に添加するかまたは、対称酸無水物またはHOBtエステルあるいはHOOBtエステルとしてあらかじめ保護アミノ酸の活性化を行なった後に樹脂に添加することができる。

【0015】

保護アミノ酸の活性化や樹脂との縮合に用いられる溶媒としては、タンパク質縮合反応に使用しうることが知られている溶媒から適宜選択されうる。例えば、N, N-ジメチルホルムアミド、N, N-ジメチルアセトアミド、N-メチルピロリドンなどの酸アミド類、塩化メチレン、クロロホルムなどのハロゲン化炭化

水素類、トリフルオロエタノールなどのアルコール類、ジメチルスルホキシドなどのスルホキシド類、ピリジン、ジオキサン、テトラヒドロフランなどのエーテル類、アセトニトリル、プロピオニトリルなどのニトリル類、酢酸メチル、酢酸エチルなどのエステル類あるいはこれらの適宜の混合物などが用いられる。反応温度はタンパク質結合形成反応に使用され得ることが知られている範囲から適宜選択され、通常約 -20°C ～ 50°C の範囲から適宜選択される。活性化されたアミノ酸誘導体は通常1.5～4倍過剰で用いられる。ニンヒドリン反応を用いたテストの結果、縮合が不十分な場合には保護基の脱離を行なうことなく縮合反応を繰り返すことにより十分な縮合を行なうことができる。反応を繰り返しても十分な縮合が得られないときには、無水酢酸またはアセチルイミダゾールを用いて未反応アミノ酸をアセチル化することによって、後の反応に影響を与えないようにすることができる。

【0016】

原料のアミノ基の保護基としては、例えば、Z、Boc、t-ペンチルオキシカルボニル、イソボルニルオキシカルボニル、4-メトキシベンジルオキシカルボニル、Cl-Z、Br-Z、アダマンチルオキシカルボニル、トリフルオロアセチル、フタロイル、ホルミル、2-ニトロフェニルスルフェニル、ジフェニルホスフィノチオイル、Fmocなどが用いられる。

カルボキシル基は、例えば、アルキルエステル化（例えば、メチル、エチル、プロピル、ブチル、t-ブチル、シクロペンチル、シクロヘキシル、シクロヘプチル、シクロオクチル、2-アダマンチルなどの直鎖状、分枝状もしくは環状アルキルエステル化）、アラルキルエステル化（例えば、ベンジルエステル、4-ニトロベンジルエステル、4-メトキシベンジルエステル、4-クロロベンジルエステル、ベンズヒドリルエステル化）、フェナシルエステル化、ベンジルオキシカルボニルヒドラジド化、t-ブトキシカルボニルヒドラジド化、トリチルヒドラジド化などによって保護することができる。

セリンの水酸基は、例えば、エステル化またはエーテル化によって保護することができる。このエステル化に適する基としては、例えば、アセチル基などの低級（ C_1-6 ）アルカノイル基、ベンゾイル基などのアロイル基、ベンジルオキ

シカルボニル基、エトキシカルボニル基などの炭酸から誘導される基などが用いられる。また、エーテル化に適する基としては、例えば、ベンジル基、テトラヒドロピラニル基、*t*-ブチル基などである。

チロシンのフェノール性水酸基の保護基としては、例えば、*Bz*1、*Cl*2-*Bz*1、2-ニトロベンジル、*Br*-*Z*、*t*-ブチルなどが用いられる。

ヒスチジンのイミダゾールの保護基としては、例えば、*Tos*、4-メトキシ-2,3,6-トリメチルベンゼンスルホニル、*DNP*、ベンジルオキシメチル、*Bum*、*Boc*、*Trt*、*Fmoc*などが用いられる。

【0017】

原料のカルボキシル基の活性化されたものとしては、例えば、対応する酸無水物、アジド、活性エステル〔アルコール（例えば、ペンタクロロフェノール、2,4,5-トリクロロフェノール、2,4-ジニトロフェノール、シアノメチルアルコール、パラニトロフェノール、*HONB*、*N*-ヒドロキシスクシミド、*N*-ヒドロキシフタルイミド、*HOBT*）とのエステル〕などが用いられる。原料のアミノ基の活性化されたものとしては、例えば、対応するリン酸アミドが用いられる。

保護基の除去（脱離）方法としては、例えば、*Pd*-黒あるいは*Pd*-炭素などの触媒の存在下での水素気流中での接触還元や、また、無水フッ化水素、メタンスルホン酸、トリフルオロメタンスルホン酸、トリフルオロ酢酸あるいはこれらの混合液などによる酸処理や、ジイソプロピルエチルアミン、トリエチルアミン、ピペリジン、ピペラジンなどによる塩基処理、また液体アンモニア中ナトリウムによる還元なども用いられる。上記酸処理による脱離反応は、一般に約-20℃～40℃の温度で行なわれるが、酸処理においては、例えば、アニソール、フェノール、チオアニソール、メタクレゾール、パラクレゾール、ジメチルスルフィド、1,4-ブタンジチオール、1,2-エタンジチオールなどのようなカチオン捕捉剤の添加が有効である。また、ヒスチジンのイミダゾール保護基として用いられる2,4-ジニトロフェニル基はチオフェノール処理により除去され、トリプトファンのインドール保護基として用いられるホルミル基は上記の1,2-エタンジチオール、1,4-ブタンジチオールなどの存在下の酸処理による

脱保護以外に、希水酸化ナトリウム溶液、希アンモニアなどによるアルカリ処理によっても除去される。

【0018】

原料の反応に関与すべきでない官能基の保護ならびに保護基、およびその保護基の脱離、反応に関与する官能基の活性化などは公知の基または公知の手段から適宜選択しうる。

タンパク質または部分ペプチドのアミド体を得る別の方法としては、例えば、まず、カルボキシ末端アミノ酸の α -カルボキシル基をアミド化して保護した後、アミノ基側にペプチド（タンパク質）鎖を所望の鎖長まで延ばした後、該ペプチド鎖のN末端の α -アミノ基の保護基のみを除いたタンパク質または部分ペプチドとC末端のカルボキシル基の保護基のみを除去したタンパク質または部分ペプチドとを製造し、これらのタンパク質またはペプチドを上記したような混合溶媒中で縮合させる。縮合反応の詳細については上記と同様である。縮合により得られた保護タンパク質またはペプチドを精製した後、上記方法によりすべての保護基を除去し、所望の粗タンパク質またはペプチドを得ることができる。この粗タンパク質またはペプチドは既知の各種精製手段を駆使して精製し、主要画分を凍結乾燥することで所望のタンパク質またはペプチドのアミド体を得ることができる。

タンパク質またはペプチドのエステル体を得るには、例えば、カルボキシ末端アミノ酸の α -カルボキシル基を所望のアルコール類と縮合しアミノ酸エステルとした後、タンパク質またはペプチドのアミド体と同様にして、所望のタンパク質またはペプチドのエステル体を得ることができる。

【0019】

本発明で用いられる部分ペプチドまたはそれらの塩は、自体公知のペプチドの合成法に従って、あるいは本発明で用いられるタンパク質を適当なペプチダーゼで切断することによって製造することができる。ペプチドの合成法としては、例えば、固相合成法、液相合成法のいずれによっても良い。すなわち、本発明で用いられる部分ペプチドを構成し得る部分ペプチドもしくはアミノ酸と残余部分とを縮合させ、生成物が保護基を有する場合は保護基を脱離することにより目的の

ペプチドを製造することができる。公知の縮合方法や保護基の脱離としては、例えば、以下の (i) ~ (v) に記載された方法が挙げられる。

(i) M. Bodanszky および M.A. Ondetti、ペプチド・シンセシス (Peptide Synthesis), Interscience Publishers, New York (1966年)

(ii) SchroederおよびLuebke、ザ・ペプチド(The Peptide), Academic Press, New York (1965年)

(iii) 泉屋信夫他、ペプチド合成の基礎と実験、丸善(株) (1975年)

(iv) 矢島治明 および榊原俊平、生化学実験講座 1、タンパク質の化学IV、205、(1977年)

(v) 矢島治明監修、続医薬品の開発、第14巻、ペプチド合成、広川書店

また、反応後は通常の前製法、例えば、溶媒抽出・蒸留・カラムクロマトグラフィー・液体クロマトグラフィー・再結晶などを組み合わせて本発明で用いられる部分ペプチドを精製単離することができる。上記方法で得られる部分ペプチドが遊離体である場合は、公知の方法あるいはそれに準じる方法によって適当な塩に変換することができるし、逆に塩で得られた場合は、公知の方法あるいはそれに準じる方法によって遊離体または他の塩に変換することができる。

【0020】

本発明で用いられるタンパク質をコードするポリヌクレオチドとしては、前述した本発明で用いられるタンパク質をコードする塩基配列を含有するものであればいかなるものであってもよい。好ましくはDNAである。DNAとしては、ゲノムDNA、ゲノムDNAライブラリー、前記した細胞・組織由来のcDNA、前記した細胞・組織由来のcDNAライブラリー、合成DNAのいずれでもよい。

ライブラリーに使用するベクターは、バクテリオファージ、プラスミド、コスミド、ファージミドなどいずれであってもよい。また、前記した細胞・組織よりtotal RNAまたはmRNA画分を調製したものをを用いて直接 Reverse Transcriptase Polymerase Chain Reaction (以下、RT-PCR法と略称する) によって増幅することもできる。

本発明で用いられるタンパク質をコードするDNAとしては、例えば、

(i) 配列番号：2 で表される塩基配列を含有する DNA、または配列番号：2 で表される塩基配列とハイストリンジェントな条件下でハイブリダイズする塩基配列を含有し、配列番号：1 で表されるアミノ酸配列を含有するタンパク質と実質的に同質の性質を有するタンパク質をコードする DNA、

(ii) 配列番号：5 で表される塩基配列を含有する DNA、または配列番号：5 で表される塩基配列とハイストリンジェントな条件下でハイブリダイズする塩基配列を含有し、配列番号：4 で表されるアミノ酸配列を含有するタンパク質と実質的に同質の性質を有するタンパク質をコードする DNA、

(iii) 配列番号：8 で表される塩基配列を含有する DNA、または配列番号：8 で表される塩基配列とハイストリンジェントな条件下でハイブリダイズする塩基配列を含有し、配列番号：7 で表されるアミノ酸配列を含有するタンパク質と実質的に同質の性質を有するタンパク質をコードする DNA、

(iv) 配列番号：11 で表される塩基配列を含有する DNA、または配列番号：11 で表される塩基配列とハイストリンジェントな条件下でハイブリダイズする塩基配列を含有し、配列番号：10 で表されるアミノ酸配列を含有するタンパク質と実質的に同質の性質を有するタンパク質をコードする DNA、

(v) 配列番号：16 で表される塩基配列を含有する DNA、または配列番号：16 で表される塩基配列とハイストリンジェントな条件下でハイブリダイズする塩基配列を含有し、配列番号：15 で表されるアミノ酸配列を含有するタンパク質と実質的に同質の性質を有するタンパク質をコードする DNA、

(vi) 配列番号：18 で表される塩基配列を含有する DNA、または配列番号：18 で表される塩基配列とハイストリンジェントな条件下でハイブリダイズする塩基配列を含有し、配列番号：17 で表されるアミノ酸配列を含有するタンパク質と実質的に同質の性質を有するタンパク質をコードする DNA、

(vii) 配列番号：21 で表される塩基配列を含有する DNA、または配列番号：21 で表される塩基配列とハイストリンジェントな条件下でハイブリダイズする塩基配列を含有し、配列番号：20 で表されるアミノ酸配列を含有するタンパク質と実質的に同質の性質を有するタンパク質をコードする DNA、

(viii) 配列番号：23 で表される塩基配列を含有する DNA、または配列番号

: 23 で表される塩基配列とハイストリンジェントな条件下でハイブリダイズする塩基配列を含有し、配列番号: 22 で表されるアミノ酸配列を含有するタンパク質と実質的に同質の性質を有するタンパク質をコードする DNA、

(ix) 配列番号: 26 で表される塩基配列を含有する DNA、または配列番号: 26 で表される塩基配列とハイストリンジェントな条件下でハイブリダイズする塩基配列を含有し、配列番号: 25 で表されるアミノ酸配列を含有するタンパク質と実質的に同質の性質を有するタンパク質をコードする DNA、

(x) 配列番号: 28 で表される塩基配列を含有する DNA、または配列番号: 28 で表される塩基配列とハイストリンジェントな条件下でハイブリダイズする塩基配列を含有し、配列番号: 27 で表されるアミノ酸配列を含有するタンパク質と実質的に同質の性質を有するタンパク質をコードする DNA であれば何れのものでもよい。

【0021】

配列番号: 2 で表される塩基配列とハイストリンジェントな条件下でハイブリダイズできる DNA としては、例えば、配列番号: 2 で表される塩基配列と約 70% 以上、好ましくは約 80% 以上、特に好ましくは約 90% 以上、最も好ましくは約 95% 以上の相同性を有する塩基配列を含有する DNA などが用いられる。

配列番号: 5 で表される塩基配列とハイストリンジェントな条件下でハイブリダイズできる DNA としては、例えば、配列番号: 5 で表される塩基配列と約 70% 以上、好ましくは約 80% 以上、特に好ましくは約 90% 以上、最も好ましくは約 95% 以上の相同性を有する塩基配列を含有する DNA などが用いられる。例えば、配列番号: 5 で表される塩基配列の 139 番目から 888 番目の塩基配列に対して約 70% 以上、好ましくは約 80% 以上、特に好ましくは約 90% 以上、最も好ましくは約 95% 以上の相同性を有する塩基配列を含有する DNA なども用いられる。

配列番号: 8 で表される塩基配列とハイストリンジェントな条件下でハイブリダイズできる DNA としては、例えば、配列番号: 8 で表される塩基配列と約 70% 以上、好ましくは約 80% 以上、特に好ましくは約 90% 以上、最も好まし

くは約 95%以上の相同性を有する塩基配列を含有する DNA などが用いられる。例えば、配列番号: 8 で表される塩基配列の 1728 番目から 1782 番目の塩基配列に対して約 70%以上、好ましくは約 80%以上、特に好ましくは約 90%以上、最も好ましくは約 95%以上の相同性を有する塩基配列を含有する DNA なども用いられる。

配列番号: 11 で表される塩基配列とハイストリンジェントな条件下でハイブリダイズできる DNA としては、例えば、配列番号: 11 で表される塩基配列と約 70%以上、好ましくは約 80%以上、特に好ましくは約 90%以上、最も好ましくは約 95%以上の相同性を有する塩基配列を含有する DNA などが用いられる。

配列番号: 16 で表される塩基配列とハイストリンジェントな条件下でハイブリダイズできる DNA としては、例えば、配列番号: 16 で表される塩基配列と約 70%以上、好ましくは約 80%以上、特に好ましくは約 90%以上、最も好ましくは約 95%以上の相同性を有する塩基配列を含有する DNA などが用いられる。

配列番号: 18 で表される塩基配列とハイストリンジェントな条件下でハイブリダイズできる DNA としては、例えば、配列番号: 18 で表される塩基配列と約 70%以上、好ましくは約 80%以上、特に好ましくは約 90%以上、最も好ましくは約 95%以上の相同性を有する塩基配列を含有する DNA などが用いられる。

配列番号: 21 で表される塩基配列とハイストリンジェントな条件下でハイブリダイズできる DNA としては、例えば、配列番号: 21 で表される塩基配列と約 70%以上、好ましくは約 80%以上、特に好ましくは約 90%以上、最も好ましくは約 95%以上の相同性を有する塩基配列を含有する DNA などが用いられる。

配列番号: 23 で表される塩基配列とハイストリンジェントな条件下でハイブリダイズできる DNA としては、例えば、配列番号: 23 で表される塩基配列と約 70%以上、好ましくは約 80%以上、特に好ましくは約 90%以上、最も好ましくは約 95%以上の相同性を有する塩基配列を含有する DNA などが用いら

れる。

配列番号：26で表される塩基配列とハイストリンジェントな条件下でハイブリダイズできるDNAとしては、例えば、配列番号：26で表される塩基配列と約70%以上、好ましくは約80%以上、特に好ましくは約90%以上、最も好ましくは約95%以上の相同性を有する塩基配列を含有するDNAなどが用いられる。

配列番号：28で表される塩基配列とハイストリンジェントな条件下でハイブリダイズできるDNAとしては、例えば、配列番号：28で表される塩基配列と約70%以上、好ましくは約80%以上、特に好ましくは約90%以上、最も好ましくは約95%以上の相同性を有する塩基配列を含有するDNAなどが用いられる。

ハイブリダイゼーションは、自体公知の方法あるいはそれに準じる方法、例えば、モレキュラー・クローニング (Molecular Cloning) 2nd (J. Sambrook et al., Cold Spring Harbor Lab. Press, 1989) に記載の方法などに従って行なうことができる。また、市販のライブラリーを使用する場合、添付の使用説明書に記載の方法に従って行なうことができる。より好ましくは、ハイストリンジェントな条件に従って行なうことができる。

ハイストリンジェントな条件とは、例えば、ナトリウム濃度が約19~40 mM、好ましくは約19~20 mMで、温度が約50~70℃、好ましくは約60~65℃の条件を示す。特に、ナトリウム濃度が約19 mMで温度が約65℃の場合が最も好ましい。

より具体的には、(i) 配列番号：1で表されるアミノ酸配列を含有するタンパク質をコードするDNAとしては、配列番号：2で表される塩基配列を含有するDNAまたは配列番号：3で表される塩基配列を含有するDNAなどが、

(ii) 配列番号：4で表されるアミノ酸配列を含有するタンパク質をコードするDNAとしては、配列番号：5で表される塩基配列を含有するDNAまたは配列番号：6で表される塩基配列を含有するDNAなどが、

(iii) 配列番号：7で表されるアミノ酸配列を含有するタンパク質をコードするDNAとしては、配列番号：8で表される塩基配列を含有するDNAまたは配

列番号: 9 で表される塩基配列を含有する DNA などが、

(iv) 配列番号: 10 で表されるアミノ酸配列を含有するタンパク質をコードする DNA としては、配列番号: 11 で表される塩基配列を含有する DNA または配列番号: 12 で表される塩基配列を含有する DNA などが、

(v) 配列番号: 15 で表されるアミノ酸配列を含有するタンパク質をコードする DNA としては、配列番号: 16 で表される塩基配列を含有する DNA または配列番号: 19 で表される塩基配列を含有する DNA などが、

(vi) 配列番号: 17 で表されるアミノ酸配列を含有するタンパク質をコードする DNA としては、配列番号: 18 で表される塩基配列を含有する DNA または配列番号: 19 で表される塩基配列を含有する DNA などが、

(vii) 配列番号: 20 で表されるアミノ酸配列を含有するタンパク質をコードする DNA としては、配列番号: 21 で表される塩基配列を含有する DNA または配列番号: 24 で表される塩基配列を含有する DNA などが、

(viii) 配列番号: 22 で表されるアミノ酸配列を含有するタンパク質をコードする DNA としては、配列番号: 23 で表される塩基配列を含有する DNA または配列番号: 24 で表される塩基配列を含有する DNA などが、

(ix) 配列番号: 25 で表されるアミノ酸配列を含有するタンパク質をコードする DNA としては、配列番号: 26 で表される塩基配列を含有する DNA または配列番号: 29 で表される塩基配列を含有する DNA などが、

(x) 配列番号: 27 で表されるアミノ酸配列を含有するタンパク質をコードする DNA としては、配列番号: 28 で表される塩基配列を含有する DNA または配列番号: 29 で表される塩基配列を含有する DNA などが用いられる。

【0022】

本発明で用いられる部分ペプチドをコードするポリヌクレオチド（例、DNA）としては、前述した本発明で用いられる部分ペプチドをコードする塩基配列を含有するものであればいかなるものであってもよい。また、ゲノム DNA、ゲノム DNA ライブラリー、前記した細胞・組織由来の cDNA、前記した細胞・組織由来の cDNA ライブラリー、合成 DNA のいずれでもよい。

本発明で用いられる部分ペプチドをコードする DNA としては、例えば、配列

番号: 2、配列番号: 5、配列番号: 8、配列番号: 11、配列番号: 16、配列番号: 18、配列番号: 21、配列番号: 23、配列番号: 26 または配列番号: 28 で表される塩基配列を含有する DNA の一部分を有する DNA、または配列番号: 2、配列番号: 5、配列番号: 8、配列番号: 11、配列番号: 16、配列番号: 18、配列番号: 21、配列番号: 23、配列番号: 26 または配列番号: 28 で表される塩基配列とハイストリンジェントな条件下でハイブリダイズする塩基配列を含有し、本発明のタンパク質と実質的に同質の活性を有するタンパク質をコードする DNA の一部分を含有する DNA などが用いられる。

配列番号: 2、配列番号: 5、配列番号: 8、配列番号: 11、配列番号: 16、配列番号: 18、配列番号: 21、配列番号: 23、配列番号: 26 または配列番号: 28 で表される塩基配列とハイブリダイズできる DNA は、前記と同意義を示す。

ハイブリダイゼーションの方法およびハイストリンジェントな条件は前記と同様のものが用いられる。

【0023】

本発明で用いられるタンパク質、部分ペプチド（以下、これらをコードする DNA のクローニングおよび発現の説明においては、これらを単に本発明のタンパク質と略記する場合がある）を完全にコードする DNA のクローニングの手段としては、本発明のタンパク質をコードする塩基配列の一部分を有する合成 DNA プライマーを用いて PCR 法によって増幅するか、または適当なベクターに組み込んだ DNA を本発明のタンパク質の一部あるいは全領域をコードする DNA 断片もしくは合成 DNA を用いて標識したものとのハイブリダイゼーションによって選別することができる。ハイブリダイゼーションの方法は、例えば、モレキュラー・クローニング (Molecular Cloning) 2nd (J. Sambrook et al., Cold Spring Harbor Lab. Press, 1989) に記載の方法などに従って行なうことができる。また、市販のライブラリーを使用する場合、添付の使用説明書に記載の方法に従って行なうことができる。

DNA の塩基配列の変換は、PCR、公知のキット、例えば、MutanTM-super Express Km (宝酒造 (株))、MutanTM-K (宝酒造 (株)) 等を用いて、ODA-LA

PCR法、Gapped duplex法、Kunkel法等の自体公知の方法あるいはそれらに準じる方法に従って行なうことができる。

クローン化されたタンパク質をコードするDNAは目的によりそのまま、または所望により制限酵素で消化したり、リンカーを付加したりして使用することができる。該DNAはその5'末端側に翻訳開始コドンとしてのATGを有し、また3'末端側には翻訳終止コドンとしてのTAA、TGAまたはTAGを有していてもよい。これらの翻訳開始コドンや翻訳終止コドンは、適当な合成DNAアダプターを用いて付加することもできる。

本発明のタンパク質の発現ベクターは、例えば、(イ)本発明のタンパク質をコードするDNAから目的とするDNA断片を切り出し、(ロ)該DNA断片を適当な発現ベクター中のプロモーターの下流に連結することにより製造することができる。

【0024】

ベクターとしては、大腸菌由来のプラスミド(例、pBR322、pBR325、pUC12、pUC13)、枯草菌由来のプラスミド(例、pUB110、pTP5、pC194)、酵母由来プラスミド(例、pSH19、pSH15)、 λ ファージなどのバクテリオファージ、レトロウイルス、ワクシニアウイルス、バキュロウイルスなどの動物ウイルスなどの他、pA1-11、pXT1、pRc/CMV、pRc/RSV、p cDNA I/Neoなどが用いられる。

本発明で用いられるプロモーターとしては、遺伝子の発現に用いる宿主に対応して適切なプロモーターであればいかなるものでもよい。例えば、動物細胞を宿主として用いる場合は、SR α プロモーター、SV40プロモーター、LTRプロモーター、CMVプロモーター、HSV-TKプロモーターなどが挙げられる。

これらのうち、CMV(サイトメガロウイルス)プロモーター、SR α プロモーターなどを用いるのが好ましい。宿主がエシェリヒア属菌である場合は、trpプロモーター、lacプロモーター、recAプロモーター、 λ P_Lプロモーター、lppプロモーター、T7プロモーターなどが、宿主がバチルス属菌である場合は、SPO1プロモーター、SPO2プロモーター、penPプロモ-

ターなど、宿主が酵母である場合は、PHO5プロモーター、PGKプロモーター、GAPプロモーター、ADHプロモーターなどが好ましい。宿主が昆虫細胞である場合は、ポリヘドリンプロモーター、P10プロモーターなどが好ましい。

【0025】

発現ベクターには、以上の他に、所望によりエンハンサー、スプライシングシグナル、ポリA付加シグナル、選択マーカー、SV40複製オリジン（以下、SV40oriと略称する場合がある）などを含有しているものを用いることができる。選択マーカーとしては、例えば、ジヒドロ葉酸還元酵素（以下、dhfrと略称する場合がある）遺伝子〔メソトレキセート（MTX）耐性〕、アンピシリン耐性遺伝子（以下、Amp^rと略称する場合がある）、ネオマイシン耐性遺伝子（以下、Neo^rと略称する場合がある、G418耐性）等が挙げられる。特に、dhfr遺伝子欠損チャイニーズハムスター細胞を用いてdhfr遺伝子を選択マーカーとして使用する場合、目的遺伝子をチミジンを含まない培地によっても選択できる。

また、必要に応じて、宿主に合ったシグナル配列を、本発明のタンパク質のN末端側に付加する。宿主がエシェリヒア属菌である場合は、PhoA・シグナル配列、OmpA・シグナル配列などが、宿主がバチルス属菌である場合は、 α -アミラーゼ・シグナル配列、サブチリシン・シグナル配列などが、宿主が酵母である場合は、MF α ・シグナル配列、SUC2・シグナル配列など、宿主が動物細胞である場合には、インシュリン・シグナル配列、 α -インターフェロン・シグナル配列、抗体分子・シグナル配列などがそれぞれ利用できる。

このようにして構築された本発明のタンパク質をコードするDNAを含有するベクターを用いて、形質転換体を製造することができる。

【0026】

宿主としては、例えば、エシェリヒア属菌、バチルス属菌、酵母、昆虫細胞、昆虫、動物細胞などが用いられる。

エシェリヒア属菌の具体例としては、例えば、エシェリヒア・コリ（*Escherichia coli*）K12・DH1〔プロシーディングズ・オブ・ザ・ナショナル・アカデ

ミー・オブ・サイエンシイズ・オブ・ザ・ユーエスエー (Proc. Natl. Acad. Sci. USA), 60巻, 160(1968)], JM103 [ヌクイレック・アシッツ・リサーチ (Nucleic Acids Research), 9巻, 309(1981)], JA221 [ジャーナル・オブ・モレキュラー・バイオロジ (Journal of Molecular Biology), 120巻, 517(1978)], HB101 [ジャーナル・オブ・モレキュラー・バイオロジ, 41巻, 459(1969)], C600 [ジェネティックス (Genetics), 39巻, 440(1954)] などが用いられる。

バチルス属菌としては、例えば、バチルス・サブチルス (*Bacillus subtilis*) MI114 [ジーン, 24巻, 255(1983)], 207-21 [ジャーナル・オブ・バイオケミストリー (Journal of Biochemistry), 95巻, 87(1984)] などが用いられる。

酵母としては、例えば、サッカロマイセス セレビシエ (*Saccharomyces cerevisiae*) AH22, AH22R-, NA87-11A, DKD-5D, 20B-12、シゾサッカロマイセス ポンベ (*Schizosaccharomyces pombe*) NCYC1913, NCYC2036、ピキア パストリス (*Pichia pastoris*) KM71 などが用いられる。

【0027】

昆虫細胞としては、例えば、ウイルスがAcNPVの場合は、夜盗蛾の幼虫由来株化細胞 (*Spodoptera frugiperda* cell; Sf細胞)、*Trichoplusia ni*の中腸由来のMG1細胞、*Trichoplusia ni*の卵由来のHigh FiveTM細胞、*Mamestra brassicae*由来の細胞または*Estigmene acrea*由来の細胞などが用いられる。ウイルスがBmNPVの場合は、蚕由来株化細胞 (*Bombyx mori* N細胞; BmN細胞) などが用いられる。該Sf細胞としては、例えば、Sf9細胞 (ATCC CRL1711)、Sf21細胞 (以上、Vaughn, J.L. ら、イン・ヴィボ (In Vivo), 13, 213-217, (1977)) などが用いられる。

昆虫としては、例えば、カイコの幼虫などが用いられる [前田ら、ネイチャー (Nature), 315巻, 592(1985)]。

動物細胞としては、例えば、サル細胞COS-7, Ver o, チャイニーズハムスター細胞CHO (以下、CHO細胞と略記), dhfr遺伝子欠損チャイニ

ーズハムスター細胞CHO（以下、CHO（dhfr⁻）細胞と略記）、マウスL細胞、マウスAtT-20、マウスミエローマ細胞、マウスATDC5細胞、ラットGH3、ヒトFL細胞などが用いられる。

エシェリヒア属菌を形質転換するには、例えば、プロシーディングズ・オブ・ザ・ナショナル・アカデミー・オブ・サイエンシイズ・オブ・ザ・ユーエスエー（Proc. Natl. Acad. Sci. USA）、69巻、2110（1972）やジーン（Gene）、17巻、107（1982）などに記載の方法に従って行なうことができる。

【0028】

バチルス属菌を形質転換するには、例えば、モレキュラー・アンド・ジェネラル・ジェネティックス（Molecular & General Genetics）、168巻、111（1979）などに記載の方法に従って行なうことができる。

酵母を形質転換するには、例えば、メソッズ・イン・エンザイモロジー（Methods in Enzymology）、194巻、182-187（1991）、プロシーディングズ・オブ・ザ・ナショナル・アカデミー・オブ・サイエンシイズ・オブ・ザ・ユーエスエー（Proc. Natl. Acad. Sci. USA）、75巻、1929（1978）などに記載の方法に従って行なうことができる。

昆虫細胞または昆虫を形質転換するには、例えば、バイオ／テクノロジー（Bio/Technology）、6、47-55（1988）などに記載の方法に従って行なうことができる。

動物細胞を形質転換するには、例えば、細胞工学別冊8 新細胞工学実験プロトコル、263-267（1995）（秀潤社発行）、ヴィロロジー（Virology）、52巻、456（1973）に記載の方法に従って行なうことができる。

このようにして、タンパク質をコードするDNAを含有する発現ベクターで形質転換された形質転換体を得ることができる。

宿主がエシェリヒア属菌、バチルス属菌である形質転換体を培養する際、培養に使用される培地としては液体培地が適当であり、その中には該形質転換体の生育に必要な炭素源、窒素源、無機物その他が含有せしめられる。炭素源としては、例えば、グルコース、デキストリン、可溶性澱粉、ショ糖など、窒素源としては、例えば、アンモニウム塩類、硝酸塩類、コーンスチープ・リカー、ペプトン

、カゼイン、肉エキス、大豆粕、バレイショ抽出液などの無機または有機物質、無機物としては、例えば、塩化カルシウム、リン酸二水素ナトリウム、塩化マグネシウムなどが挙げられる。また、酵母エキス、ビタミン類、生長促進因子などを添加してもよい。培地の pH は約 5 ～ 8 が望ましい。

【0029】

エシェリヒア属菌を培養する際の培地としては、例えば、グルコース、カザミノ酸を含む M9 培地 [ミラー (Miller), ジャーナル・オブ・エクスペリメンツ・イン・モレキュラー・ジェネティックス (Journal of Experiments in Molecular Genetics), 431-433, Cold Spring Harbor Laboratory, New York 1972] が好ましい。ここに必要によりプロモーターを効率よく働かせるために、例えば、3 β -インドリルアクリル酸のような薬剤を加えることができる。

宿主がエシェリヒア属菌の場合、培養は通常約 15 ～ 43℃ で約 3 ～ 24 時間行ない、必要により、通気や攪拌を加えることもできる。

宿主がバチルス属菌の場合、培養は通常約 30 ～ 40℃ で約 6 ～ 24 時間行ない、必要により通気や攪拌を加えることもできる。

宿主が酵母である形質転換体を培養する際、培地としては、例えば、バークホルダー (Burkholder) 最小培地 [Bostian, K. L. ら、プロシーディングズ・オブ・ザ・ナショナル・アカデミー・オブ・サイエンシイズ・オブ・ザ・ユーエスエー (Proc. Natl. Acad. Sci. USA), 77 巻, 4505 (1980)] や 0.5% カザミノ酸を含有する SD 培地 [Bitter, G. A. ら、プロシーディングズ・オブ・ザ・ナショナル・アカデミー・オブ・サイエンシイズ・オブ・ザ・ユーエスエー (Proc. Natl. Acad. Sci. USA), 81 巻, 5330 (1984)] が挙げられる。培地の pH は約 5 ～ 8 に調整するのが好ましい。培養は通常約 20℃ ～ 35℃ で約 24 ～ 72 時間行ない、必要に応じて通気や攪拌を加える。

宿主が昆虫細胞または昆虫である形質転換体を培養する際、培地としては、Grace's Insect Medium (Grace, T.C.C., ネイチャー (Nature), 195, 788 (1962)) に非動化した 10% ウシ血清等の添加物を適宜加えたものなどが用いられる。培地の pH は約 6.2 ～ 6.4 に調整するのが好ましい。培養は通常約 27℃ で約 3 ～ 5 日間行ない、必要に応じて通気や攪拌を加える。

宿主が動物細胞である形質転換体を培養する際、培地としては、例えば、約5～20%の胎児牛血清を含むMEM培地〔サイエンス (Science), 122巻, 501(1952)〕, DMEM培地〔ヴィロロジー (Virology), 8巻, 396(1959)〕, RPMI 1640培地〔ジャーナル・オブ・ザ・アメリカン・メディカル・アソシエーション (The Journal of the American Medical Association) 199巻, 519(1967)〕, 199培地〔プロシーディング・オブ・ザ・ソサイエティ・フォー・ザ・バイオロジカル・メディスン (Proceeding of the Society for the Biological Medicine), 73巻, 1(1950)〕などが用いられる。pHは約6～8であるのが好ましい。培養は通常約30℃～40℃で約15～60時間行ない、必要に応じて通気や攪拌を加える。

以上のようにして、形質転換体の細胞内、細胞膜または細胞外に本発明のタンパク質を生成せしめることができる。

【0030】

上記培養物から本発明のタンパク質を分離精製するには、例えば、下記の方法により行なうことができる。

本発明のタンパク質を培養菌体あるいは細胞から抽出するに際しては、培養後、公知の方法で菌体あるいは細胞を集め、これを適当な緩衝液に懸濁し、超音波、リゾチームおよび／または凍結融解などによって菌体あるいは細胞を破壊したのち、遠心分離やろ過によりタンパク質の粗抽出液を得る方法などが適宜用いられる。緩衝液の中に尿素や塩酸グアニジンなどのタンパク質変性剤や、トリトンX-100TMなどの界面活性剤が含まれていてもよい。培養液中にタンパク質が分泌される場合には、培養終了後、それ自体公知の方法で菌体あるいは細胞と上清とを分離し、上清を集める。

このようにして得られた培養上清、あるいは抽出液中に含まれるタンパク質の精製は、自体公知の分離・精製法を適切に組み合わせて行なうことができる。これらの公知の分離、精製法としては、塩析や溶媒沈澱法などの溶解度を利用する方法、透析法、限外ろ過法、ゲルろ過法、およびSDS-ポリアクリルアミドゲル電気泳動法などの主として分子量の差を利用する方法、イオン交換クロマトグラフィーなどの荷電の差を利用する方法、アフィニティークロマトグラフィーな

どの特異的親和性を利用する方法、逆相高速液体クロマトグラフィーなどの疎水性の差を利用する方法、等電点電気泳動法などの等電点の差を利用する方法などが用いられる。

【0031】

かくして得られるタンパク質が遊離体で得られた場合には、自体公知の方法あるいはそれに準じる方法によって塩に変換することができ、逆に塩で得られた場合には自体公知の方法あるいはそれに準じる方法により、遊離体または他の塩に変換することができる。

なお、組換え体が産生するタンパク質を、精製前または精製後に適当な蛋白修飾酵素を作用させることにより、任意に修飾を加えたり、ポリペプチドを部分的に除去することもできる。蛋白修飾酵素としては、例えば、トリプシン、キモトリプシン、アルギニルエンドペプチダーゼ、プロテインキナーゼ、グリコシダーゼなどが用いられる。

かくして生成する本発明のタンパク質の存在は、特異抗体を用いたエンザイムイムノアッセイやウェスタンブロッティングなどにより測定することができる。

【0032】

本発明で用いられるタンパク質もしくは部分ペプチドまたはその塩に対する抗体は、本発明で用いられるタンパク質もしくは部分ペプチドまたはその塩を認識し得る抗体であれば、ポリクローナル抗体、モノクローナル抗体の何れであってもよい。

本発明で用いられるタンパク質もしくは部分ペプチドまたはその塩（以下、抗体の説明においては、これらを単に本発明のタンパク質と略記する場合がある）に対する抗体は、本発明のタンパク質を抗原として用い、自体公知の抗体または抗血清の製造法に従って製造することができる。

〔モノクローナル抗体の作製〕

(a) モノクローナル抗体産生細胞の作製

本発明のタンパク質は、温血動物に対して投与により抗体産生が可能な部位にそれ自体あるいは担体、希釈剤とともに投与される。投与に際して抗体産生能を高めるため、完全フロイントアジュバントや不完全フロイントアジュバントを投

与してもよい。投与は通常2～6週毎に1回ずつ、計2～10回程度行われる。用いられる温血動物としては、例えば、サル、ウサギ、イヌ、モルモット、マウス、ラット、ヒツジ、ヤギ、ニワトリが挙げられるが、マウスおよびラットが好ましく用いられる。

モノクローナル抗体産生細胞の作製に際しては、抗原で免疫された温血動物、例えばマウスから抗体価の認められた個体を選択し最終免疫の2～5日後に脾臓またはリンパ節を採取し、それらに含まれる抗体産生細胞を同種または異種動物の骨髓腫細胞と融合させることにより、モノクローナル抗体産生ハイブリドーマを調製することができる。抗血清中の抗体価の測定は、例えば、後記の標識化タンパク質と抗血清とを反応させたのち、抗体に結合した標識剤の活性を測定することにより行なうことができる。融合操作は既知の方法、例えば、ケーラーとミルスタインの方法〔ネイチャー (Nature)、256、495 (1975)〕に従い実施することができる。融合促進剤としては、例えば、ポリエチレングリコール (PEG) やセンダイウイルスなどが挙げられるが、好ましくはPEGが用いられる。

【0033】

骨髓腫細胞としては、例えば、NS-1、P3U1、SP2/0、AP-1などの温血動物の骨髓腫細胞が挙げられるが、P3U1が好ましく用いられる。用いられる抗体産生細胞（脾臓細胞）数と骨髓腫細胞数との好ましい比率は1:1～20:1程度であり、PEG（好ましくはPEG1000～PEG6000）が10～80%程度の濃度で添加され、20～40℃、好ましくは30～37℃で1～10分間インキュベートすることにより効率よく細胞融合を実施できる。

モノクローナル抗体産生ハイブリドーマのスクリーニングには種々の方法が使用できるが、例えば、タンパク質抗原を直接あるいは担体とともに吸着させた固相（例、マイクロプレート）にハイブリドーマ培養上清を添加し、次に放射性物質や酵素などで標識した抗免疫グロブリン抗体（細胞融合に用いられる細胞がマウスの場合、抗マウス免疫グロブリン抗体が用いられる）またはプロテインAを加え、固相に結合したモノクローナル抗体を検出する方法、抗免疫グロブリン抗体またはプロテインAを吸着させた固相にハイブリドーマ培養上清を添加し、放射性物質や酵素などで標識したタンパク質を加え、固相に結合したモノクローナ

ル抗体を検出する方法などが挙げられる。

モノクローナル抗体の選別は、自体公知あるいはそれに準じる方法に従って行なうことができる。通常 HAT (ヒポキサンチン、アミノプテリン、チミジン) を添加した動物細胞用培地で行なうことができる。選別および育種用培地としては、ハイブリドーマが生育できるものならばどのような培地を用いても良い。例えば、1~20%、好ましくは10~20%の牛胎児血清を含む RPMI 1640 培地、1~10%の牛胎児血清を含む GIT 培地 (和光純薬工業 (株)) あるいはハイブリドーマ培養用無血清培地 (SFM-101、日水製薬 (株)) などを用いることができる。培養温度は、通常 20~40℃、好ましくは約 37℃ である。培養時間は、通常 5 日~3 週間、好ましくは 1 週間~2 週間である。培養は、通常 5% 炭酸ガス下で行なうことができる。ハイブリドーマ培養上清の抗体価は、上記の抗血清中の抗体価の測定と同様にして測定できる。

【0034】

(b) モノクローナル抗体の精製

モノクローナル抗体の分離精製は、自体公知の方法、例えば、免疫グロブリンの分離精製法 [例、塩析法、アルコール沈殿法、等電点沈殿法、電気泳動法、イオン交換体 (例、DEAE) による吸脱着法、超遠心法、ゲルろ過法、抗原結合固相あるいはプロテイン A あるいはプロテイン G などの活性吸着剤により抗体のみを採取し、結合を解離させて抗体を得る特異的精製法] に従って行なうことができる。

[ポリクローナル抗体の作製]

本発明のポリクローナル抗体は、それ自体公知あるいはそれに準じる方法に従って製造することができる。例えば、免疫抗原 (タンパク質抗原) 自体、あるいはそれとキャリアタンパク質との複合体をつくり、上記のモノクローナル抗体の製造法と同様に温血動物に免疫を行ない、該免疫動物から本発明のタンパク質に対する抗体含有物を採取して、抗体の分離精製を行なうことにより製造することができる。

温血動物を免疫するために用いられる免疫抗原とキャリアタンパク質との複合体に関し、キャリアタンパク質の種類およびキャリアーとハプテンとの混合

比は、キャリアに架橋させて免疫したハプテンに対して抗体が効率良くできれば、どのようなものをどのような比率で架橋させてもよいが、例えば、ウシ血清アルブミンやウシサイログロブリン、ヘモシアニン等を重量比でハプテン 1 に対し、約 0.1～20、好ましくは約 1～5 の割合でカプルさせる方法が用いられる。

また、ハプテンとキャリアのカプリングには、種々の縮合剤を用いることができるが、グルタルアルデヒドやカルボジイミド、マレイミド活性エステル、チオール基、ジチオビリジル基を含有する活性エステル試薬等が用いられる。

縮合生成物は、温血動物に対して、抗体産生が可能な部位にそれ自体あるいは担体、希釈剤とともに投与される。投与に際して抗体産生能を高めるため、完全フロイントアジュバントや不完全フロイントアジュバントを投与してもよい。投与は、通常約 2～6 週毎に 1 回ずつ、計約 3～10 回程度行なわれる。

ポリクローナル抗体は、上記の方法で免疫された温血動物の血液、腹水など、好ましくは血液から採取することができる。

抗血清中のポリクローナル抗体価の測定は、上記の抗血清中の抗体価の測定と同様にして測定できる。ポリクローナル抗体の分離精製は、上記のモノクローナル抗体の分離精製と同様の免疫グロブリンの分離精製法に従って行なうことができる。

【0035】

本発明で用いられるタンパク質または部分ペプチドをコードするポリヌクレオチド（例、DNA（以下、アンチセンスポリヌクレオチドの説明においては、これらの DNA を本発明の DNA と略記する場合がある））の塩基配列に相補的な、または実質的に相補的な塩基配列またはその一部を有するアンチセンスポリヌクレオチドとしては、本発明のポリヌクレオチド（例、DNA）の塩基配列に相補的な、または実質的に相補的な塩基配列またはその一部を含有し、該 DNA の発現を抑制し得る作用を有するものであれば、いずれのアンチセンスポリヌクレオチドであってもよく、アンチセンス DNA が好ましい。

本発明の DNA に実質的に相補的な塩基配列とは、例えば、本発明の DNA に相補的な塩基配列（すなわち、本発明の DNA の相補鎖）の全塩基配列あるいは部分塩基配列と約 70% 以上、好ましくは約 80% 以上、より好ましくは約 90

%以上、最も好ましくは約95%以上の相同性を有する塩基配列などが挙げられる。特に、本発明のDNAの相補鎖の全塩基配列うち、(イ) 翻訳阻害を指向したアンチセンスポリヌクレオチドの場合は、本発明のタンパク質のN末端部位をコードする部分の塩基配列（例えば、開始コドン付近の塩基配列など）の相補鎖と約70%以上、好ましくは約80%以上、より好ましくは約90%以上、最も好ましくは約95%以上の相同性を有するアンチセンスポリヌクレオチドが、(ロ) RNase HによるRNA分解を指向するアンチセンスポリヌクレオチドの場合は、イントロンを含む本発明のDNAの全塩基配列の相補鎖と約70%以上、好ましくは約80%以上、より好ましくは約90%以上、最も好ましくは約95%以上の相同性を有するアンチセンスポリヌクレオチドがそれぞれ好適である。

具体的には、配列番号：2、配列番号：5、配列番号：8、配列番号：11、配列番号：16、配列番号：18、配列番号：21、配列番号：23、配列番号：26または配列番号：28で表わされる塩基配列を含有するDNAの塩基配列に相補的な、もしくは実質的に相補的な塩基配列、またはその一部分を有するアンチセンスポリヌクレオチド、好ましくは例えば、配列番号：2、配列番号：5、配列番号：8、配列番号：11、配列番号：16、配列番号：18、配列番号：21、配列番号：23、配列番号：26または配列番号：28で表わされる塩基配列を含有するDNAの塩基配列に相補な塩基配列、またはその一部分を有するアンチセンスポリヌクレオチドなどが挙げられる。

アンチセンスポリヌクレオチドは通常、10～40個程度、好ましくは15～30個程度の塩基から構成される。

ヌクレアーゼなどの加水分解酵素による分解を防ぐために、アンチセンスDNAを構成する各ヌクレオチドのりん酸残基（ホスフェート）は、例えば、ホスホロチオエート、メチルホスホネート、ホスホロジチオネートなどの化学修飾りん酸残基に置換されていてもよい。また、各ヌクレオチドの糖（デオキシリボース）は、2'-O-メチル化などの化学修飾糖構造に置換されていてもよいし、塩基部分（ピリミジン、プリン）も化学修飾を受けたものであってもよく、配列番号：2で表わされる塩基配列を有するDNAにハイブリダイズするものであれば

いずれのものでもよい。これらのアンチセンスポリヌクレオチドは、公知のDNA合成装置などを用いて製造することができる。

【0036】

本発明に従えば、本発明のタンパク質遺伝子の複製または発現を阻害することのできるアンチセンスポリヌクレオチド（核酸）を、クローン化した、あるいは決定されたタンパク質をコードするDNAの塩基配列情報に基づき設計し、合成しうる。かかるポリヌクレオチド（核酸）は、本発明のタンパク質遺伝子のRNAとハイブリダイズすることができ、該RNAの合成または機能を阻害することができるか、あるいは本発明のタンパク質関連RNAとの相互作用を介して本発明のタンパク質遺伝子の発現を調節・制御することができる。本発明のタンパク質関連RNAの選択された配列に相補的なポリヌクレオチド、および本発明のタンパク質関連RNAと特異的にハイブリダイズすることができるポリヌクレオチドは、生体内および生体外で本発明のタンパク質遺伝子の発現を調節・制御するのに有用であり、また病気などの治療または診断に有用である。用語「対応する」とは、遺伝子を含めたヌクレオチド、塩基配列または核酸の特定の配列に相同性を有するあるいは相補的であることを意味する。ヌクレオチド、塩基配列または核酸とペプチド（タンパク質）との間で「対応する」とは、ヌクレオチド（核酸）の配列またはその相補体から誘導される指令にあるペプチド（タンパク質）のアミノ酸を通常指している。タンパク質遺伝子の5'端ヘアピンループ、5'端6-ベースペア・リピート、5'端非翻訳領域、ポリペプチド翻訳開始コドン、タンパク質コード領域、ORF翻訳終止コドン、3'端非翻訳領域、3'端ポリンドローム領域、および3'端ヘアピンループは好ましい対象領域として選択しうるが、タンパク質遺伝子内の如何なる領域も対象として選択しうる。

目的核酸と、対象領域の少なくとも一部に相補的なポリヌクレオチドとの関係は、対象物とハイブリダイズすることができるポリヌクレオチドとの関係は、「アンチセンス」であるということができる。アンチセンスポリヌクレオチドは、2-デオキシ-D-リボースを含有しているポリヌクレオチド、D-リボースを含有しているポリヌクレオチド、プリンまたはピリミジン塩基のN-グリコシドであるその他のタイプのポリヌクレオチド、あるいは非ヌクレオチド骨格を有す

るその他のポリマー（例えば、市販のタンパク質核酸および合成配列特異的な核酸ポリマー）または特殊な結合を含有するその他のポリマー（但し、該ポリマーはDNAやRNA中に見出されるような塩基のペアリングや塩基の付着を許容する配置をもつヌクレオチドを含有する）などが挙げられる。それらは、2本鎖DNA、1本鎖DNA、2本鎖RNA、1本鎖RNA、さらにDNA:RNAハイブリッドであることができ、さらに非修飾ポリヌクレオチド（または非修飾オリゴヌクレオチド）、さらには公知の修飾の付加されたもの、例えば当該分野で知られた標識のあるもの、キャップの付いたもの、メチル化されたもの、1個以上の天然のヌクレオチドを類縁物で置換したもの、分子内ヌクレオチド修飾のされたもの、例えば非荷電結合（例えば、メチルホスホネート、ホスホトリエステル、ホスホルアミデート、カルバメートなど）を持つもの、電荷を有する結合または硫黄含有結合（例えば、ホスホロチオエート、ホスホロジチオエートなど）を持つもの、例えばタンパク質（ヌクレアーゼ、ヌクレアーゼ・インヒビター、トキシシン、抗体、シグナルペプチド、ポリ-L-リジンなど）や糖（例えば、モノサッカライドなど）などの側鎖基を有しているもの、インターカレント化合物（例えば、アクリジン、ソラレンなど）を持つもの、キレート化合物（例えば、金属、放射活性をもつ金属、ホウ素、酸化性の金属など）を含有するもの、アルキル化剤を含有するもの、修飾された結合を持つもの（例えば、 α アノマー型の核酸など）であってもよい。ここで「ヌクレオシド」、「ヌクレオチド」および「核酸」とは、プリンおよびピリミジン塩基を含有するのみでなく、修飾されたその他の複素環型塩基をもつようなものを含んでいて良い。こうした修飾物は、メチル化されたプリンおよびピリミジン、アシル化されたプリンおよびピリミジン、あるいはその他の複素環を含むものであってよい。修飾されたヌクレオチドおよび修飾されたヌクレオチドはまた糖部分が修飾されていてよく、例えば、1個以上の水酸基がハロゲンとか、脂肪族基などで置換されていたり、あるいはエーテル、アミンなどの官能基に変換されていてよい。

本発明のアンチセンスポリヌクレオチド（核酸）は、RNA、DNA、あるいは修飾された核酸（RNA、DNA）である。修飾された核酸の具体例としては核酸の硫黄誘導体やチオホスフェート誘導体、そしてポリヌクレオシドアミドや

オリゴヌクレオシドアミドの分解に抵抗性のものが挙げられるが、それに限定されるものではない。本発明のアンチセンス核酸は次のような方針で好ましく設計されうる。すなわち、細胞内でのアンチセンス核酸をより安定なものにする、アンチセンス核酸の細胞透過性をより高める、目標とするセンス鎖に対する親和性をより大きなものにする、そしてもし毒性があるならアンチセンス核酸の毒性をより小さなものにする。

こうして修飾は当該分野で数多く知られており、例えば J. Kawakami et al., Pharm Tech Japan, Vol. 8, pp.247, 1992; Vol. 8, pp.395, 1992; S. T. Crooke et al. ed., Antisense Research and Applications, CRC Press, 1993 などに開示がある。

本発明のアンチセンス核酸は、変化せしめられたり、修飾された糖、塩基、結合を含有していて良く、リポゾーム、ミクロスフェアのような特殊な形態で供与されたり、遺伝子治療により適用されたり、付加された形態で与えられることができる。こうして付加形態で用いられるものとしては、リン酸基骨格の電荷を中和するように働くポリリジンのようなポリカチオン体、細胞膜との相互作用を高めたり、核酸の取込みを増大せしめるような脂質（例えば、ホスホリピド、コレステロールなど）といった疎水性のものが挙げられる。付加するに好ましい脂質としては、コレステロールやその誘導体（例えば、コレステリルクロロホルメート、コール酸など）が挙げられる。こうしたものは、核酸の3' 端あるいは5' 端に付着させることができ、塩基、糖、分子内ヌクレオシド結合を介して付着させることができる。その他の基としては、核酸の3' 端あるいは5' 端に特異的に配置されたキャップ用の基で、エキソヌクレアーゼ、RNAseなどのヌクレアーゼによる分解を阻止するためのものが挙げられる。こうしたキャップ用の基としては、ポリエチレングリコール、テトラエチレングリコールなどのグリコールをはじめとした当該分野で知られた水酸基の保護基が挙げられるが、それに限定されるものではない。

アンチセンス核酸の阻害活性は、本発明の形質転換体、本発明の生体内や生体外の遺伝子発現系、あるいは本発明のタンパク質の生体内や生体外の翻訳系を用いて調べることができる。該核酸それ自体公知の各種の方法で細胞に適用できる

。

【0037】

以下に、本発明のタンパク質もしくは部分ペプチドまたはその塩（以下、本発明のタンパク質と略記する場合がある）、本発明のタンパク質または部分ペプチドをコードするDNA（以下、本発明のDNAと略記する場合がある）、本発明のタンパク質もしくは部分ペプチドまたはその塩に対する抗体（以下、本発明の抗体と略記する場合がある）、および本発明のDNAのアンチセンスポリヌクレオチド（以下、本発明のアンチセンスポリヌクレオチドと略記する場合がある）の用途を説明する。

【0038】

本発明のタンパク質は、癌組織で発現が増加するので、疾患マーカーとして利用することが出来る。すなわち、癌組織における早期診断、症状の重症度の判定、疾患進行の予測のためのマーカーとして有用である。よって、本発明のタンパク質をコードするポリヌクレオチドのアンチセンスポリヌクレオチド、本発明のタンパク質の活性を阻害する化合物もしくはその塩、本発明のタンパク質の遺伝子の発現を阻害する化合物もしくはその塩、または本発明のタンパク質に対する抗体を含有する医薬は、例えば、大腸癌、乳癌、肺癌、前立腺癌、食道癌、胃癌、肝臓癌、胆道癌、脾臓癌、腎癌、膀胱癌、子宮癌、精巣癌、甲状腺癌、膵臓癌、脳腫瘍または血液腫瘍などの癌の予防・治療剤、アポトーシス促進剤として使用することができる。

【0039】

(1) 疾病に対する医薬候補化合物のスクリーニング

本発明のタンパク質は癌組織で発現が亢進してしており、さらに、本発明のタンパク質の活性（例、クロロパーオキシダーゼ活性）を阻害すると癌細胞がアポトーシスを起こす。従って、本発明のタンパク質の活性を阻害する化合物またはその塩は、例えば大腸癌、乳癌、肺癌、前立腺癌、食道癌、胃癌、肝臓癌、胆道癌、脾臓癌、腎癌、膀胱癌、子宮癌、精巣癌、甲状腺癌、膵臓癌、脳腫瘍または血液腫瘍などの癌の予防・治療剤として使用することができる。また、本発明のタンパク質の活性（例、クロロパーオキシダーゼ活性）を阻害する化合物または

その塩は、例えば、アポトーシス促進剤として使用することもできる。

したがって、本発明のタンパク質は、本発明のタンパク質の活性を阻害する化合物またはその塩のスクリーニングのための試薬として有用である。

すなわち、本発明は、本発明のタンパク質を用いることを特徴とする本発明のタンパク質の活性を阻害する化合物またはその塩のスクリーニング方法を提供する。

具体的には、例えば、(i) 本発明のタンパク質を産生する能力を有する細胞のクロロパーオキシダーゼ活性と、(ii) 本発明のタンパク質を産生する能力を有する細胞と試験化合物の混合物のクロロパーオキシダーゼ活性とを比較することを特徴する本発明のタンパク質の活性を阻害する化合物またはその塩のスクリーニング方法が用いられる。

上記スクリーニング方法においては、例えば、(i) と (ii) の場合において、クロロパーオキシダーゼ活性を測定し、monochlorodimedoneに塩素を付加してdichlorodimedoneを生成する活性を指標として比較する。

クロロパーオキシダーゼ活性は、公知の方法、例えば、ジャーナル オブ バイオロジカル ケミストリー (J. Biol. Chem.) 241巻、1763頁～1768頁 (1966年) 記載の方法に従って測定する。

本発明のタンパク質を産生する能力を有する細胞としては、例えば、前述した本発明のタンパク質をコードするDNAを含有するベクターで形質転換された宿主 (形質転換体) が用いられる。宿主としては、例えば、COS7細胞、CHO細胞、HEK293細胞などの動物細胞が好ましく用いられる。該スクリーニングには、例えば、前述の方法で培養することによって、本発明のタンパク質を細胞膜上に発現させた形質転換体が好ましく用いられる。本発明のタンパク質を発現し得る細胞の培養方法は、前記した本発明の形質変換体の培養法と同様である。

試験化合物としては、例えばペプチド、タンパク質、非ペプチド性化合物、合成化合物、発酵生産物、細胞抽出液、植物抽出液、動物組織抽出液などがあげられる。

例えば、上記 (ii) の場合における本発明のタンパク質のクロロパーオキシダ

ーゼ活性を、上記 (i) の場合に比べて、約 20% 以上、好ましくは 30% 以上、より好ましくは約 50% 以上阻害させる試験化合物を、本発明のタンパク質の活性を阻害する化合物として選択することができる。

【0040】

本発明のタンパク質の活性を阻害する活性を有する化合物は、本発明のタンパク質の生理活性を抑制するための安全で低毒性な医薬として有用である。

本発明のスクリーニング方法またはスクリーニング用キットを用いて得られる化合物またはその塩は、例えば、ペプチド、タンパク、非ペプチド性化合物、合成化合物、発酵生産物、細胞抽出液、植物抽出液、動物組織抽出液、血漿などから選ばれた化合物である。該化合物の塩としては、前記した本発明のペプチドの塩と同様のものが用いられる。

【0041】

さらに、本発明のタンパク質の遺伝子も、癌組織において発現が増加するので、本発明のタンパク質の遺伝子の発現を阻害する化合物またはその塩も、例えば乳癌、大腸癌、乳癌、肺癌、前立腺癌、食道癌、胃癌、肝臓癌、胆道癌、脾臓癌、腎癌、膀胱癌、子宮癌、精巣癌、甲状腺癌、脾臓癌、脳腫瘍または血液腫瘍などの癌の予防・治療剤として使用することができる。また、本発明のタンパク質をコードする遺伝子の発現を阻害する化合物またはその塩は、例えば、アポトーシス促進剤として使用することもできる。

したがって、本発明のポリヌクレオチド（例、DNA）は、本発明のタンパク質の遺伝子の発現を阻害する化合物またはその塩のスクリーニングのための試薬として有用である。

スクリーニング方法としては、(iii) 本発明のタンパク質を産生する能力を有する細胞を培養した場合と、(iv) 試験化合物の存在下、本発明で用いられるタンパク質を産生する能力を有する細胞を培養した場合との比較を行うことを特徴とするスクリーニング方法が挙げられる。

上記方法において、(iii) と (iv) の場合における、前記遺伝子の発現量（具体的には、本発明のタンパク質量または前記タンパク質をコードする mRNA 量）を測定して、比較する。

試験化合物および本発明のタンパク質を産生する能力を有する細胞としては、上記と同様のものが挙げられる。

タンパク質量の測定は、公知の方法、例えば、本発明のタンパク質を認識する抗体を用いて、細胞抽出液中などに存在する前記タンパク質を、ウェスタン解析、ELISA法などの方法またはそれに準じる方法に従い測定することができる。

mRNA量の測定は、公知の方法、例えば、プローブとして配列番号：2、配列番号：5、配列番号：8、配列番号：11、配列番号：16、配列番号：18、配列番号：21、配列番号：23、配列番号：26または配列番号：28で表される塩基配列またはその一部を含有する核酸を用いるノーザンハイブリダイゼーション、あるいはプライマーとして配列番号：2、配列番号：5、配列番号：8、配列番号：11、配列番号：16、配列番号：18、配列番号：21、配列番号：23、配列番号：26または配列番号：28で表される塩基配列またはその一部を含有する核酸を用いるPCR法またはそれに準じる方法に従い測定することができる。

例えば、上記 (iv) の場合における遺伝子の発現を、上記 (iii) の場合に比べて、約20%以上、好ましくは30%以上、より好ましくは約50%以上阻害させる試験化合物を、本発明のタンパク質の遺伝子の発現を阻害する化合物として選択することができる。

【0042】

本発明のスクリーニング用キットは、本発明で用いられるタンパク質もしくは部分ペプチドまたはその塩、または本発明で用いられるタンパク質もしくは部分ペプチドを産生する能力を有する細胞を含有するものである。

本発明のスクリーニング方法またはスクリーニング用キットを用いて得られる化合物またはその塩は、上記した試験化合物、例えば、ペプチド、タンパク、非ペプチド性化合物、合成化合物、発酵生産物、細胞抽出液、植物抽出液、動物組織抽出液、血漿などから選ばれた化合物またはその塩であり、本発明のタンパク質の活性を阻害する化合物またはその塩、本発明のタンパク質の遺伝子の発現を阻害する化合物またはその塩である。

該化合物の塩としては、前記した本発明のタンパク質の塩と同様のものが用いられる。

本発明のタンパク質の活性を阻害する化合物またはその塩、および本発明のタンパク質の遺伝子の発現を阻害する化合物またはその塩はそれぞれ、例えば大腸癌、乳癌、肺癌、前立腺癌、食道癌、胃癌、肝臓癌、胆道癌、脾臓癌、腎癌、膀胱癌、子宮癌、精巣癌、甲状腺癌、膵臓癌、脳腫瘍または血液腫瘍などの癌の治療・予防剤として、またはアポトーシス促進剤として有用である。

本発明のスクリーニング方法またはスクリーニング用キットを用いて得られる化合物またはその塩を上述の予防・治療剤として使用する場合、常套手段に従って製剤化することができる。

【0043】

例えば、経口投与のための組成物としては、固体または液体の剤形、具体的には錠剤（糖衣錠、フィルムコーティング錠を含む）、丸剤、顆粒剤、散剤、カプセル剤（ソフトカプセル剤を含む）、シロップ剤、乳剤、懸濁剤などがあげられる。かかる組成物は自体公知の方法によって製造され、製剤分野において通常用いられる担体、希釈剤もしくは賦形剤を含有するものである。例えば、錠剤用の担体、賦形剤としては、乳糖、でんぷん、蔗糖、ステアリン酸マグネシウムなどが用いられる。

非経口投与のための組成物としては、例えば、注射剤、坐剤などが用いられ、注射剤は静脈注射剤、皮下注射剤、皮内注射剤、筋肉注射剤、点滴注射剤、関節内注射剤などの剤形を包含する。かかる注射剤は、自体公知の方法に従って、例えば、上記化合物またはその塩を通常注射剤に用いられる無菌の水性もしくは油性液に溶解、懸濁または乳化することによって調製する。注射用の水性液としては、例えば、生理食塩水、ブドウ糖やその他の補助薬を含む等張液などが用いられ、適当な溶解補助剤、例えば、アルコール（例、エタノール）、ポリアルコール（例、プロピレングリコール、ポリエチレングリコール）、非イオン界面活性剤〔例、ポリソルベート 80、HCO-50 (polyoxyethylene (50 mol) adduct of hydrogenated castor oil)〕などと併用してもよい。油性液としては、例えば、ゴマ油、大豆油などが用いられ、溶解補助剤として安息香酸ベンジル、

ベンジルアルコールなどを併用してもよい。調製された注射液は、通常、適当なアンプルに充填される。直腸投与に用いられる坐剤は、上記化合物またはその塩を通常の坐薬用基剤に混合することによって調製される。

【0044】

上記の経口用または非経口用医薬組成物は、活性成分の投与量に適合するような投薬単位の剤形に調製されることが好都合である。かかる投薬単位の剤形としては、錠剤、丸剤、カプセル剤、注射剤（アンプル）、坐剤などが例示され、それぞれの投薬単位剤形当たり通常5～500mg、とりわけ注射剤では5～100mg、その他の剤形では10～250mgの上記化合物が含有されていることが好ましい。

なお前記した各組成物は、上記化合物との配合により好ましくない相互作用を生じない限り他の活性成分を含有してもよい。

このようにして得られる製剤は安全で低毒性であるので、例えば、ヒトまたは温血動物（例えば、マウス、ラット、ウサギ、ヒツジ、ブタ、ウシ、ウマ、トリ、ネコ、イヌ、サル、チンパンジーなど）に対して経口的にまたは非経口的に投与することができる。

該化合物またはその塩の投与量は、その作用、対象疾患、投与対象、投与ルートなどにより差異はあるが、例えば、乳癌の治療の目的で本発明のタンパク質の遺伝子の発現を阻害する化合物またはその塩を経口投与する場合、一般的に成人（体重60kgとして）においては、一日につき該化合物またはその塩を約0.1～100mg、好ましくは約1.0～50mg、より好ましくは約1.0～20mg投与する。非経口的に投与する場合は、該化合物またはその塩の1回投与量は投与対象、対象疾患などによっても異なるが、例えば、乳癌の治療の目的で本発明のタンパク質の遺伝子の発現を阻害する化合物またはその塩を注射剤の形で通常成人（体重60kgとして）に投与する場合、一日につき該化合物またはその塩を約0.01～30mg程度、好ましくは約0.1～20mg程度、より好ましくは約0.1～10mg程度を癌病変部に注射により投与するのが好都合である。他の動物の場合も、体重60kgあたりに換算した量を投与することができる。

【0045】

(2) 本発明のタンパク質の定量

本発明の抗体は、本発明のタンパク質を特異的に認識することができるので、被検液中の本発明のタンパク質の定量、特にサンドイッチ免疫測定法による定量などに使用することができる。

すなわち、本発明は、

(i) 本発明の抗体と、被検液および標識化された本発明のタンパク質とを競合的に反応させ、該抗体に結合した標識化された本発明のタンパク質の割合を測定することを特徴とする被検液中の本発明のタンパク質の定量法、および

(ii) 被検液と担体上に不溶化した本発明の抗体および標識化された本発明の別の抗体とを同時あるいは連続的に反応させたのち、不溶化担体上の標識剤の活性を測定することを特徴とする被検液中の本発明のタンパク質の定量法を提供する。

上記 (ii) の定量法においては、一方の抗体が本発明のタンパク質のN端部を認識する抗体で、他方の抗体が本発明のタンパク質のC端部に反応する抗体であることが望ましい。

【0046】

また、本発明のタンパク質に対するモノクローナル抗体（以下、本発明のモノクローナル抗体と称する場合がある）を用いて本発明のタンパク質の定量を行なえるほか、組織染色等による検出を行なうこともできる。これらの目的には、抗体分子そのものを用いてもよく、また、抗体分子の $F(a b')_2$ 、 $F a b'$ 、あるいは $F a b$ 画分を用いてもよい。

本発明の抗体を用いる本発明のタンパク質の定量法は、特に制限されるべきものではなく、被測定液中の抗原量（例えば、タンパク質量）に対応した抗体、抗原もしくは抗体-抗原複合体の量を化学的または物理的手段により検出し、これを既知量の抗原を含む標準液を用いて作製した標準曲線より算出する測定法であれば、いずれの測定法を用いてもよい。例えば、ネフロメトリー、競合法、イムノメトリック法およびサンドイッチ法が好適に用いられるが、感度、特異性の点で、後述するサンドイッチ法を用いるのが特に好ましい。

標識物質を用いる測定法に用いられる標識剤としては、例えば、放射性同位元素、酵素、蛍光物質、発光物質などが用いられる。放射性同位元素としては、例えば、 $[^{125}\text{I}]$ 、 $[^{131}\text{I}]$ 、 $[^3\text{H}]$ 、 $[^{14}\text{C}]$ などが用いられる。上記酵素としては、安定で比活性の大きなものが好ましく、例えば、 β -ガラクトシダーゼ、 β -グルコシダーゼ、アルカリフォスファターゼ、パーオキシダーゼ、リンゴ酸脱水素酵素などが用いられる。蛍光物質としては、例えば、フルオレスカミン、フルオレッセンイソチオシアネートなどが用いられる。発光物質としては、例えば、ルミノール、ルミノール誘導体、ルシフェリン、ルシゲニンなどが用いられる。さらに、抗体あるいは抗原と標識剤との結合にビオチン-アビジン系を用いることもできる。

【0047】

抗原あるいは抗体の不溶化に当っては、物理吸着を用いてもよく、また通常タンパク質あるいは酵素等を不溶化、固定化するのに用いられる化学結合を用いる方法でもよい。担体としては、アガロース、デキストラン、セルロースなどの不溶性多糖類、ポリスチレン、ポリアクリルアミド、シリコン等の合成樹脂、あるいはガラス等が挙げられる。

サンドイッチ法においては不溶化した本発明のモノクローナル抗体に被検液を反応させ（1次反応）、さらに標識化した別の本発明のモノクローナル抗体を反応させ（2次反応）たのち、不溶化担体上の標識剤の活性を測定することにより被検液中の本発明のタンパク質量を定量することができる。1次反応と2次反応は逆の順序に行っても、また、同時に行なってもよいし時間をずらして行なってもよい。標識化剤および不溶化の方法は前記のそれらに準じることができる。また、サンドイッチ法による免疫測定法において、固相用抗体あるいは標識用抗体に用いられる抗体は必ずしも1種類である必要はなく、測定感度を向上させる等の目的で2種類以上の抗体の混合物を用いてもよい。

本発明のサンドイッチ法による本発明のタンパク質の測定法においては、1次反応と2次反応に用いられる本発明のモノクローナル抗体は、本発明のタンパク質の結合する部位が相異なる抗体が好ましく用いられる。すなわち、1次反応および2次反応に用いられる抗体は、例えば、2次反応で用いられる抗体が、本発

明のタンパク質のC端部を認識する場合、1次反応で用いられる抗体は、好ましくはC端部以外、例えばN端部を認識する抗体が用いられる。

【0048】

本発明のモノクローナル抗体をサンドイッチ法以外の測定システム、例えば、競合法、イムノメトリック法あるいはネフロメトリーなどに用いることができる。

競合法では、被検液中の抗原と標識抗原とを抗体に対して競合的に反応させたのち、未反応の標識抗原(F)と、抗体と結合した標識抗原(B)とを分離し(B/F分離)、B、Fいずれかの標識量を測定し、被検液中の抗原量を定量する。本反応法には、抗体として可溶性抗体を用い、B/F分離をポリエチレングリコール、前記抗体に対する第2抗体などを用いる液相法、および、第1抗体として固相化抗体を用いるか、あるいは、第1抗体は可溶性のものを用い第2抗体として固相化抗体を用いる固相化法とが用いられる。

イムノメトリック法では、被検液中の抗原と固相化抗原とを一定量の標識化抗体に対して競合反応させた後固相と液相を分離するか、あるいは、被検液中の抗原と過剰量の標識化抗体とを反応させ、次に固相化抗原を加え未反応の標識化抗体を固相に結合させたのち、固相と液相を分離する。次に、いずれかの相の標識量を測定し被検液中の抗原量を定量する。

また、ネフロメトリーでは、ゲル内あるいは溶液中で抗原抗体反応の結果生じた不溶性の沈降物の量を測定する。被検液中の抗原量が僅かであり、少量の沈降物しか得られない場合にもレーザーの散乱を利用するレーザーネフロメトリーなどが好適に用いられる。

【0049】

これら個々の免疫学的測定法を本発明の定量方法に適用するにあたっては、特別の条件、操作等の設定は必要とされない。それぞれの方法における通常の方法、操作法に当業者の通常の技術的配慮を加えて本発明のタンパク質の測定系を構築すればよい。これらの一般的な技術手段の詳細については、総説、成書などを参照することができる。

例えば、入江 寛編「ラジオイムノアッセイ」(講談社、昭和49年発行)、

入江 寛編「続ラジオイムノアッセイ」(講談社、昭和54年発行)、石川栄治ら編「酵素免疫測定法」(医学書院、昭和53年発行)、石川栄治ら編「酵素免疫測定法」(第2版)(医学書院、昭和57年発行)、石川栄治ら編「酵素免疫測定法」(第3版)(医学書院、昭和62年発行)、「Methods in ENZYMOLOGY」Vol. 70(Immunochemical Techniques(Part A))、同書 Vol. 73(Immunochemical Techniques(Part B))、同書 Vol. 74(Immunochemical Techniques(Part C))、同書 Vol. 84(Immunochemical Techniques(Part D:Selected Immunoassays))、同書 Vol. 92(Immunochemical Techniques(Part E:Monoclonal Antibodies and General Immunoassay Methods))、同書 Vol. 121(Immunochemical Techniques(Part I:Hybridoma Technology and Monoclonal Antibodies))(以上、アカデミックプレス社発行)などを参照することができる。

以上のようにして、本発明の抗体を用いることによって、本発明のタンパク質を感度良く定量することができる。

さらには、本発明の抗体を用いて本発明のタンパク質の濃度を定量することによって、本発明のタンパク質の濃度の増加が検出された場合、例えば大腸癌、乳癌、肺癌、前立腺癌、食道癌、胃癌、肝臓癌、胆道癌、脾臓癌、腎癌、膀胱癌、子宮癌、精巣癌、甲状腺癌、膵臓癌、脳腫瘍または血液腫瘍などの癌である、または将来罹患する可能性が高いと診断することができる。

また、本発明の抗体は、体液や組織などの被検体中に存在する本発明のタンパク質を検出するために使用することができる。また、本発明のタンパク質を精製するために使用する抗体カラムの作製、精製時の各分画中の本発明のタンパク質の検出、被検細胞内における本発明のタンパク質の挙動の分析などのために使用することができる。

【0050】

(3) 遺伝子診断薬

本発明のDNAは、例えば、プローブとして使用することにより、ヒトまたは温血動物(例えば、ラット、マウス、モルモット、ウサギ、トリ、ヒツジ、ブタ、ウシ、ウマ、ネコ、イヌ、サル、チンパンジーなど)における本発明のタンパク質またはその部分ペプチドをコードするDNAまたはmRNAの異常(遺伝子

異常)を検出することができるので、例えば、該DNAまたはmRNAの損傷、突然変異あるいは発現低下や、該DNAまたはmRNAの増加あるいは発現過多などの遺伝子診断薬として有用である。

本発明のDNAを用いる上記の遺伝子診断は、例えば、自体公知のノーザンハイブリダイゼーションやPCR-SSCP法(ゲノミクス(Genomics), 第5巻, 874~879頁(1989年)、プロシーディングズ・オブ・ザ・ナショナル・アカデミー・オブ・サイエンシズ・オブ・ユーエスエー(Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America), 第86巻, 2766~2770頁(1989年))などにより実施することができる。

例えば、ノーザンハイブリダイゼーションにより発現過多が検出された場合やPCR-SSCP法によりDNAの突然変異などが検出された場合は、例えば大腸癌、乳癌、肺癌、前立腺癌、食道癌、胃癌、肝臓癌、胆道癌、脾臓癌、腎癌、膀胱癌、子宮癌、精巣癌、甲状腺癌、膵臓癌、脳腫瘍または血液腫瘍などの癌である可能性が高いと診断することができる。

【0051】

(4) アンチセンスポリヌクレオチドを含有する医薬

本発明のDNAに相補的に結合し、該DNAの発現を抑制することができる本発明のアンチセンスポリヌクレオチドは低毒性であり、生体内における本発明のタンパク質または本発明のDNAの機能や作用を抑制することができるので、例えば大腸癌、乳癌、肺癌、前立腺癌、食道癌、胃癌、肝臓癌、胆道癌、脾臓癌、腎癌、膀胱癌、子宮癌、精巣癌、甲状腺癌、膵臓癌、脳腫瘍または血液腫瘍などの癌の予防・治療剤として使用することができる。また、本発明のアンチセンスポリヌクレオチドは例えば、アポトーシス促進剤として使用することもできる。

上記アンチセンスポリヌクレオチドを上記の予防・治療剤、促進剤などとして使用する場合、自体公知の方法に従って製剤化し、投与することができる。

また、例えば、前記のアンチセンスポリヌクレオチドを単独あるいはレトロウイルスベクター、アデノウイルスベクター、アデノウイルスアソシエーテッドウイルスベクターなどの適当なベクターに挿入した後、常套手段に従って、ヒトま

たは哺乳動物（例、ラット、ウサギ、ヒツジ、ブタ、ウシ、ネコ、イヌ、サルなど）に対して経口的または非経口的に投与することができる。該アンチセンスポリヌクレオチドは、そのまま、あるいは摂取促進のために補助剤などの生理学的に認められる担体とともに製剤化し、遺伝子銃やハイドロゲルカテーテルのようなカテーテルによって投与できる。あるいは、エアロゾル化して吸入剤として気管内に局所投与することもできる。

さらに、体内動態の改良、半減期の長期化、細胞内取り込み効率の改善を目的に、前記のアンチセンスポリヌクレオチドを単独またはリポゾームなどの担体とともに製剤（注射剤）化し、静脈、皮下等に投与してもよい。

該アンチセンスポリヌクレオチドの投与量は、対象疾患、投与対象、投与ルートなどにより差異はあるが、例えば、乳癌の治療の目的で本発明のアンチセンスポリヌクレオチドを投与する場合、一般的に成人（体重 60 kg）においては、一日につき該アンチセンスポリヌクレオチドを約 0.1 ~ 100 mg 投与する。

さらに、該アンチセンスポリヌクレオチドは、組織や細胞における本発明の DNA の存在やその発現状況を調べるための診断用オリゴヌクレオチドプローブとして使用することもできる。

上記アンチセンスポリヌクレオチドと同様に、本発明のタンパク質をコードする RNA の一部を含有する二重鎖 RNA、本発明のタンパク質をコードする RNA の一部を含有するリボザイムなども、本発明の遺伝子の発現を抑制することができ、生体内における本発明で用いられるタンパク質または本発明で用いられる DNA の機能を抑制することができるので、例えば、大腸癌、乳癌、肺癌、前立腺癌、食道癌、胃癌、肝臓癌、胆道癌、脾臓癌、腎癌、膀胱癌、子宮癌、精巣癌、甲状腺癌、膵臓癌、脳腫瘍または血液腫瘍などの癌の予防・治療剤、アポトーシス促進剤などとして使用することができる。

二重鎖 RNA は、公知の方法（例、Nature, 411 巻, 494 頁, 2001 年）に準じて、本発明のポリヌクレオチドの配列を基に設計して製造することができる。

リボザイムは、公知の方法（例、TRENDS in Molecular Medicine, 7 巻, 221 頁, 2001 年）に準じて、本発明のポリヌクレオチドの配列を基に設計して製造することができる。例えば、本発明のタンパク質をコードする RNA の一部に公知の

リボザイムを連結することによって製造することができる。本発明のタンパク質をコードするRNAの一部としては、公知のリボザイムによって切断され得る本発明のRNA上の切断部位に近接した部分(RNA断片)が挙げられる。

上記の二重鎖RNAまたはリボザイムを上記予防・治療剤として使用する場合、アンチセンスポリヌクレオチドと同様にして製剤化し、投与することができる。

【0052】

(5) 本発明の抗体を含有する医薬

本発明の抗体は、例えば大腸癌、乳癌、肺癌、前立腺癌、食道癌、胃癌、肝臓癌、胆道癌、脾臓癌、腎癌、膀胱癌、子宮癌、精巣癌、甲状腺癌、膵臓癌、脳腫瘍または血液腫瘍などの癌の予防・治療剤(例、ワクチンなど)として使用することができる。また、本発明の抗体は、例えば、アポトーシス促進剤として使用することもできる。

本発明の抗体を含有する上記疾患の予防・治療剤、促進剤は低毒性であり、そのまま液剤として、または適当な剤型の医薬組成物として、ヒトまたは哺乳動物(例、ラット、ウサギ、ヒツジ、ブタ、ウシ、ネコ、イヌ、サルなど)に対して経口的または非経口的(例、血管内投与、皮下投与など)に投与することができる。好ましくはワクチンとして定法に従って投与することができる。

本発明の抗体は、それ自体を投与しても良いし、または適当な医薬組成物として投与しても良い。投与に用いられる医薬組成物としては、本発明の抗体およびその塩と薬理学的に許容され得る担体、希釈剤もしくは賦形剤とを含むものであっても良い。このような医薬組成物は、経口または非経口投与に適する剤形として提供される。

非経口投与のための組成物としては、例えば、注射剤、坐剤、ワクチン等が用いられ、注射剤は静脈注射剤、皮下注射剤、皮内注射剤、筋肉注射剤、点滴注射剤等の剤形を包含しても良い。このような注射剤は、公知の方法に従って調整できる。注射剤の調整方法としては、例えば、上記本発明の抗体またはその塩を通常注射剤に用いられる無菌の水性液、または油性液に溶解、懸濁または乳化することによって調製できる。注射用の水性液としては、例えば、生理食塩水、ブド

ウ糖やその他の補助薬を含む等張液等が用いられ、適当な溶解補助剤、例えば、アルコール（例、エタノール）、ポリアルコール（例、プロピレングリコール、ポリエチレングリコール）、非イオン界面活性剤〔例、ポリソルベート 80、HCO-50 (polyoxyethylene (50mol) adduct of hydrogenated castor oil)〕等と併用してもよい。油性液としては、例えば、ゴマ油、大豆油等が用いられ、溶解補助剤として安息香酸ベンジル、ベンジルアルコール等を併用してもよい。調製された注射液は、適当なアンプルに充填されることが好ましい。直腸投与に用いられる坐剤は、上記抗体またはその塩を通常の坐薬用基剤に混合することによって調製されても良い。

経口投与のための組成物としては、固体または液体の剤形、具体的には錠剤（糖衣錠、フィルムコーティング錠を含む）、丸剤、顆粒剤、散剤、カプセル剤（ソフトカプセル剤を含む）、シロップ剤、乳剤、懸濁剤等が挙げられる。このような組成物は公知の方法によって製造され、製剤分野において通常用いられる担体、希釈剤もしくは賦形剤を含有していても良い。錠剤用の担体、賦形剤としては、例えば、乳糖、でんぷん、蔗糖、ステアリン酸マグネシウムが用いられる。

上記の非経口用または経口用医薬組成物は、活性成分の投与量に適合するような投薬単位の剤形に調製されることが好都合である。このような投薬単位の剤形としては、例えば、錠剤、丸剤、カプセル剤、注射剤（アンプル）、坐剤が挙げられる。抗体の含有量としては、投薬単位剤形当たり通常 5～500mg 程度、とりわけ注射剤では 5～100mg 程度、その他の剤形では 10～250mg 程度の上記抗体が含有されていることが好ましい。

本発明の抗体を含有する上記予防・治療剤、調節剤の投与量は、投与対象、対象疾患、症状、投与ルートなどによっても異なるが、例えば、成人の乳癌の治療・予防のために使用する場合には、本発明の抗体を 1 回量として、通常 0.01～20mg/kg 体重程度、好ましくは 0.1～10mg/kg 体重程度、さらに好ましくは 0.1～5mg/kg 体重程度を、1 日 1～5 回程度、好ましくは 1 日 1～3 回程度、静脈注射により投与するのが好都合である。他の非経口投与および経口投与の場合もこれに準ずる量を投与することができる。症状が特に重い場合には、その症状に応じて増量してもよい。

本発明の抗体は、それ自体または適当な医薬組成物として投与することができる。上記投与に用いられる医薬組成物は、上記抗体またはその塩と薬理学的に許容され得る担体、希釈剤もしくは賦形剤とを含むものである。かかる組成物は、経口または非経口投与（例、血管内注射、皮下注射など）に適する剤形として提供される。

なお前記した各組成物は、上記抗体との配合により好ましくない相互作用を生じない限り他の活性成分を含有してもよい。

【0053】

(6) 本発明のタンパク質を含有する医薬

本発明のタンパク質は癌で過剰に発現していることから、癌患者の免疫系を活性化するために本発明のタンパク質を癌ワクチンとして用いることもできる。

例えば、強力な抗原提示細胞（例、樹状細胞）を本発明のタンパク質存在下に培養し、該タンパク質を貪食させた後に、再び患者の体内に戻す、所謂養子免疫療法などを好ましく適用し得る。体内に戻された樹状細胞は癌抗原特異的な細胞障害性T細胞を誘導、活性化することにより癌細胞を死滅させることが可能である。

また、本発明のタンパク質は、例えば大腸癌、乳癌、肺癌、前立腺癌、食道癌、胃癌、肝臓癌、胆道癌、脾臓癌、腎癌、膀胱癌、子宮癌、精巣癌、甲状腺癌、膵臓癌、脳腫瘍または血液腫瘍などの癌の予防または治療のためのワクチン製剤として、安全に、哺乳動物（例、ヒト、サル、マウス、ラット、ウサギ、ブタ）に投与することもできる。

該ワクチン製剤は、通常、本発明のタンパク質および生理学的に許容されうる担体を含有する。担体としては例えば、水、食塩水（生理食塩水を含む）、緩衝液（例、リン酸緩衝液）、アルコール（例、エタノール）などの液体の担体があげられる。

ワクチン製剤は、通常のワクチン製剤の製造方法に従って調製することができる。

通常、本発明のタンパク質は、生理学的に許容されうる担体に溶解または懸濁される。また、本発明のタンパク質と生理学的に許容されうる担体とを別々に調

製し、用時それらを混合して用いてもよい。

ワクチン製剤には、本発明のタンパク質および生理学的に許容されうる担体に加え、アジュバント（例、水酸化アルミニウムゲル、血清アルブミンなど）、防腐剤（例、チメロサルなど）、無痛化剤（例、ブドウ糖、ベンジルアルコールなど）などを配合させてもよい。また、本発明のタンパク質に対する抗体産生を促進させるために、例えばサイトカイン（例、インターロイキン-2などのインターロイキン類、インターフェロン- γ などのインターフェロン類など）をさらに配合させてもよい。

ワクチン製剤として用いる際、本発明のタンパク質は活性体として用いてもよいが、抗原性を高めるために本発明のタンパク質を変性させてもよい。本発明のタンパク質の変性は、通常、加熱処理、タンパク変性剤（例、ホルマリン、塩酸グアニジン、尿素）による処理により行われる。

得られたワクチン製剤は低毒性であり、通常注射剤として、例えば皮下、皮内、筋肉内に投与してもよく、また癌細胞塊またはその近傍に局所的に投与してもよい。

本発明のタンパク質の投与量は、例えば対象疾患、投与対象、投与ルートなどによって異なるが、例えば本発明のタンパク質を癌に罹患した成人（体重60 kg）に皮下的に注射剤として投与する場合、1回当たり通常0.1 mg～300 mg程度、好ましくは100 mg～300 mg程度である。ワクチン製剤の投与回数は1回でもよいが、抗体産生量を高めるために、約2週間～約6ヶ月の間隔をあけて、該ワクチン製剤を2～4回投与することもできる。

【0054】

(7) DNA転移動物

本発明は、外来性の本発明のタンパク質をコードするDNA（以下、本発明の外来性DNAと略記する）またはその変異DNA（本発明の外来性変異DNAと略記する場合がある）を有する非ヒト哺乳動物を提供する。

すなわち、本発明は、

- (1) 本発明の外来性DNAまたはその変異DNAを有する非ヒト哺乳動物、
- (2) 非ヒト哺乳動物がゲッ歯動物である第(1)記載の動物、

(3) ゲッ歯動物がマウスまたはラットである第(2)記載の動物、および

(4) 本発明の外来性DNAまたはその変異DNAを含有し、哺乳動物において発現しうる組換えベクターを提供するものである。

本発明の外来性DNAまたはその変異DNAを有する非ヒト哺乳動物(以下、本発明のDNA転移動物と略記する)は、未受精卵、受精卵、精子およびその始原細胞を含む胚芽細胞などに対して、好ましくは、非ヒト哺乳動物の発生における胚発生の段階(さらに好ましくは、単細胞または受精卵細胞の段階でかつ一般に8細胞期以前)に、リン酸カルシウム法、電気パルス法、リポフェクション法、凝集法、マイクロインジェクション法、パーティクルガン法、DEAE-デキストラン法などにより目的とするDNAを転移することによって作出することができる。また、該DNA転移方法により、体細胞、生体の臓器、組織細胞などに目的とする本発明の外来性DNAを転移し、細胞培養、組織培養などに利用することもでき、さらに、これら細胞を上述の胚芽細胞と自体公知の細胞融合法により融合させることにより本発明のDNA転移動物を作出することもできる。

非ヒト哺乳動物としては、例えば、ウシ、ブタ、ヒツジ、ヤギ、ウサギ、イヌ、ネコ、モルモット、ハムスター、マウス、ラットなどが用いられる。なかでも、病体動物モデル系の作成の面から個体発生および生物サイクルが比較的短く、また、繁殖が容易なゲッ歯動物、とりわけマウス(例えば、純系として、C57BL/6系統、DBA2系統など、交雑系として、B6C3F1系統、BDF1系統、B6D2F1系統、BALB/c系統、ICR系統など)またはラット(例えば、Wistar, SDなど)などが好ましい。

哺乳動物において発現しうる組換えベクターにおける「哺乳動物」としては、上記の非ヒト哺乳動物の他にヒトなどがあげられる。

【0055】

本発明の外来性DNAとは、非ヒト哺乳動物が本来有している本発明のDNAではなく、いったん哺乳動物から単離・抽出された本発明のDNAをいう。

本発明の変異DNAとしては、元の本発明のDNAの塩基配列に変異(例えば、突然変異など)が生じたもの、具体的には、塩基の付加、欠損、他の塩基への置換などが生じたDNAなどが用いられ、また、異常DNAも含まれる。

該異常DNAとしては、異常な本発明のタンパク質を発現させるDNAを意味し、例えば、正常な本発明のタンパク質の機能を抑制するタンパク質を発現させるDNAなどが用いられる。

本発明の外来性DNAは、対象とする動物と同種あるいは異種のどちらの哺乳動物由来のものであってもよい。本発明のDNAを対象動物に転移させるにあたっては、該DNAを動物細胞で発現させうるプロモーターの下流に結合したDNAコンストラクトとして用いるのが一般に有利である。例えば、本発明のヒトDNAを転移させる場合、これと相溶性が高い本発明のDNAを有する各種哺乳動物（例えば、ウサギ、イヌ、ネコ、モルモット、ハムスター、ラット、マウスなど）由来のDNAを発現させうる各種プロモーターの下流に、本発明のヒトDNAを結合したDNAコンストラクト（例、ベクターなど）を対象哺乳動物の受精卵、例えば、マウス受精卵へマイクロインジェクションすることによって本発明のDNAを高発現するDNA転移哺乳動物を作出することができる。

【0056】

本発明のタンパク質の発現ベクターとしては、大腸菌由来のプラスミド、枯草菌由来のプラスミド、酵母由来のプラスミド、 λ ファージなどのバクテリオファージ、モロニー白血病ウイルスなどのレトロウイルス、ワクシニアウイルスまたはバキュロウイルスなどの動物ウイルスなどが用いられる。なかでも、大腸菌由来のプラスミド、枯草菌由来のプラスミドまたは酵母由来のプラスミドなどが好ましく用いられる。

上記のDNA発現調節を行なうプロモーターとしては、例えば、①ウイルス（例、シミアンウイルス、サイトメガロウイルス、モロニー白血病ウイルス、JCウイルス、乳癌ウイルス、ポリオウイルスなど）に由来するDNAのプロモーター、②各種哺乳動物（ヒト、ウサギ、イヌ、ネコ、モルモット、ハムスター、ラット、マウスなど）由来のプロモーター、例えば、アルブミン、インスリンII、ウロプラキンII、エラスターゼ、エリスロポエチン、エンドセリン、筋クレアチンキナーゼ、グリア線維性酸性タンパク質、グルタチオンS-トランスフェラーゼ、血小板由来成長因子 β 、ケラチンK1, K10およびK14、コラーゲンI型およびII型、サイクリックAMP依存タンパク質キナーゼ β Iサブユニ

ット、ジストロフィン、酒石酸抵抗性アルカリフォスファターゼ、心房ナトリウム利尿性因子、内皮レセプターチロシンキナーゼ（一般に Tie 2 と略される）、ナトリウムカリウムアデノシン 3 リン酸化酵素（Na, K-ATPase）、ニューロフィラメント軽鎖、メタロチオネイン I および IIA、メタロプロティナーゼ 1 組織インヒビター、MHC クラス I 抗原（H-2L）、H-ras、レニン、ドーパミン β -水酸化酵素、甲状腺ペルオキシダーゼ（TPO）、ペプチド鎖延長因子 1 α （EF-1 α ）、 β アクチン、 α および β ミオシン重鎖、ミオシン軽鎖 1 および 2、ミエリン基礎タンパク質、チログロブリン、Thy-1、免疫グロブリン、H鎖可変部（VNP）、血清アミロイド P コンポーネント、ミオグロビン、トロポニン C、平滑筋 α アクチン、プレプロエンケファリン A、バソプレシンなどのプロモーターなどが用いられる。なかでも、全身で高発現することが可能なサイトメガロウイルスプロモーター、ヒトペプチド鎖延長因子 1 α （EF-1 α ）のプロモーター、ヒトおよびニワトリ β アクチンプロモーターなどが好適である。

上記ベクターは、DNA 転移哺乳動物において目的とするメッセンジャー RNA の転写を終結する配列（一般にターミネーターと呼ばれる）を有していることが好ましく、例えば、ウイルス由来および各種哺乳動物由来の各 DNA の配列を用いることができ、好ましくは、シミアンウイルスの SV40 ターミネーターなどが用いられる。

【0057】

その他、目的とする外来性 DNA をさらに高発現させる目的で各 DNA のスプライシングシグナル、エンハンサー領域、真核 DNA のイントロンの一部などをプロモーター領域の 5' 上流、プロモーター領域と翻訳領域間あるいは翻訳領域の 3' 下流 に連結することも目的により可能である。

正常な本発明のタンパク質の翻訳領域は、ヒトまたは各種哺乳動物（例えば、ウサギ、イヌ、ネコ、モルモット、ハムスター、ラット、マウスなど）由来の肝臓、腎臓、甲状腺細胞、線維芽細胞由来 DNA および市販の各種ゲノム DNA ライブラリーよりゲノム DNA の全てあるいは一部として、または肝臓、腎臓、甲状腺細胞、線維芽細胞由来 RNA より公知の方法により調製された相補 DNA を

原料として取得することが出来る。また、外来性の異常DNAは、上記の細胞または組織より得られた正常なタンパク質の翻訳領域を点突然変異誘発法により変異した翻訳領域を作製することができる。

該翻訳領域は転移動物において発現しうるDNAコンストラクトとして、前記のプロモーターの下流および所望により転写終結部位の上流に連結させる通常のDNA工学的手法により作製することができる。

受精卵細胞段階における本発明の外来性DNAの転移は、対象哺乳動物の胚芽細胞および体細胞のすべてに存在するように確保される。DNA転移後の作出動物の胚芽細胞において、本発明の外来性DNAが存在することは、作出動物の後代がすべて、その胚芽細胞および体細胞のすべてに本発明の外来性DNAを保持することを意味する。本発明の外来性DNAを受け継いだこの種の動物の子孫はその胚芽細胞および体細胞のすべてに本発明の外来性DNAを有する。

本発明の外来性正常DNAを転移させた非ヒト哺乳動物は、交配により外来性DNAを安定に保持することを確認して、該DNA保有動物として通常の飼育環境で継代飼育することが出来る。

受精卵細胞段階における本発明の外来性DNAの転移は、対象哺乳動物の胚芽細胞および体細胞の全てに過剰に存在するように確保される。DNA転移後の作出動物の胚芽細胞において本発明の外来性DNAが過剰に存在することは、作出動物の子孫が全てその胚芽細胞および体細胞の全てに本発明の外来性DNAを過剰に有することを意味する。本発明の外来性DNAを受け継いだこの種の動物の子孫はその胚芽細胞および体細胞の全てに本発明の外来性DNAを過剰に有する。

導入DNAを相同染色体の両方に持つホモザイゴート動物を取得し、この雌雄の動物を交配することによりすべての子孫が該DNAを過剰に有するように繁殖継代することができる。

【0058】

本発明の正常DNAを有する非ヒト哺乳動物は、本発明の正常DNAが高発現させられており、内在性の正常DNAの機能を促進することにより最終的に本発明のタンパク質の機能亢進症を発症することがあり、その病態モデル動物として

利用することができる。例えば、本発明の正常DNA転移動物を用いて、本発明のタンパク質の機能亢進症や、本発明のタンパク質が関連する疾患の病態機序の解明およびこれらの疾患の治療方法の検討を行なうことが可能である。

また、本発明の外来性正常DNAを転移させた哺乳動物は、遊離した本発明のタンパク質の増加症状を有することから、本発明のタンパク質に関連する疾患に対する予防・治療剤、例えば大腸癌、乳癌、肺癌、前立腺癌、食道癌、胃癌、肝臓癌、胆道癌、脾臓癌、腎癌、膀胱癌、子宮癌、精巣癌、甲状腺癌、脾臓癌、脳腫瘍または血液腫瘍などの癌の予防・治療剤のスクリーニング試験にも利用可能である。

一方、本発明の外来性異常DNAを有する非ヒト哺乳動物は、交配により外来性DNAを安定に保持することを確認して該DNA保有動物として通常の飼育環境で継代飼育することが出来る。さらに、目的とする外来DNAを前述のプラスミドに組み込んで原料として用いることができる。プロモーターとのDNAコンストラクトは、通常のDNA工学的手法によって作製することができる。受精卵細胞段階における本発明の異常DNAの転移は、対象哺乳動物の胚芽細胞および体細胞の全てに存在するように確保される。DNA転移後の作出動物の胚芽細胞において本発明の異常DNAが存在することは、作出動物の子孫が全てその胚芽細胞および体細胞の全てに本発明の異常DNAを有することを意味する。本発明の外来性DNAを受け継いだこの種の動物の子孫は、その胚芽細胞および体細胞の全てに本発明の異常DNAを有する。導入DNAを相同染色体の両方に持つホモザイゴート動物を取得し、この雌雄の動物を交配することによりすべての子孫が該DNAを有するように繁殖継代することができる。

【0059】

本発明の異常DNAを有する非ヒト哺乳動物は、本発明の異常DNAが高発現させられており、内在性の正常DNAの機能を阻害することにより最終的に本発明のタンパク質の機能不活性型不応症となることがあり、その病態モデル動物として利用することができる。例えば、本発明の異常DNA転移動物を用いて、本発明のタンパク質の機能不活性型不応症の病態機序の解明およびこの疾患を治療方法の検討を行なうことが可能である。

また、具体的な利用可能性としては、本発明の異常DNA高発現動物は、本発明のタンパク質の機能不活性型不応症における本発明の異常タンパク質による正常タンパク質の機能阻害（dominant negative作用）を解明するモデルとなる。

また、本発明の外来異常DNAを転移させた哺乳動物は、遊離した本発明のタンパク質の増加症状を有することから、本発明のタンパク質または機能不活性型不応症に対する予防・治療剤、例えば大腸癌、乳癌、肺癌、前立腺癌、食道癌、胃癌、肝臓癌、胆道癌、脾臓癌、腎癌、膀胱癌、子宮癌、精巣癌、甲状腺癌、脾臓癌、脳腫瘍または血液腫瘍などの癌の予防・治療剤のスクリーニング試験にも利用可能である。

また、上記2種類の本発明のDNA転移動物のその他の利用可能性として、例えば、

- ①組織培養のための細胞源としての使用、
- ②本発明のDNA転移動物の組織中のDNAもしくはRNAを直接分析するか、またはDNAにより発現されたペプチド組織を分析することによる、本発明のタンパク質により特異的に発現あるいは活性化するペプチドとの関連性についての解析、
- ③DNAを有する組織の細胞を標準組織培養技術により培養し、これらを使用して、一般に培養困難な組織からの細胞の機能の研究、
- ④上記③記載の細胞を用いることによる細胞の機能を高めるような薬剤のスクリーニング、および
- ⑤本発明の変異タンパク質を単離精製およびその抗体作製などが考えられる。

【0060】

さらに、本発明のDNA転移動物を用いて、本発明のタンパク質の機能不活性型不応症などを含む、本発明のタンパク質に関連する疾患の臨床症状を調べることができ、また、本発明のタンパク質に関連する疾患モデルの各臓器におけるより詳細な病理学的所見が得られ、新しい治療方法の開発、さらには、該疾患による二次的疾患の研究および治療に貢献することができる。

また、本発明のDNA転移動物から各臓器を取り出し、細切後、トリプシンなどのタンパク質分解酵素により、遊離したDNA転移細胞の取得、その培養また

はその培養細胞の系統化を行なうことが可能である。さらに、本発明のタンパク質産生細胞の特定化、アポトーシス、分化あるいは増殖との関連性、またはそれらにおけるシグナル伝達機構を調べ、それらの異常を調べることなどができ、本発明のタンパク質およびその作用解明のための有効な研究材料となる。

さらに、本発明のDNA転移動物を用いて、本発明のタンパク質の機能不活性型不応症を含む、本発明のタンパク質に関連する疾患の治療薬の開発を行なうために、上述の検査法および定量法などを用いて、有効で迅速な該疾患治療薬のスクリーニング法を提供することが可能となる。また、本発明のDNA転移動物または本発明の外来性DNA発現ベクターを用いて、本発明のタンパク質に関連する疾患のDNA治療法を検討、開発することが可能である。

【0061】

(8) ノックアウト動物

本発明は、本発明のDNAが不活性化された非ヒト哺乳動物胚幹細胞および本発明のDNA発現不全非ヒト哺乳動物を提供する。

すなわち、本発明は、

- (1) 本発明のDNAが不活性化された非ヒト哺乳動物胚幹細胞、
- (2) 該DNAがレポーター遺伝子（例、大腸菌由来の β -ガラクトシダーゼ遺伝子）を導入することにより不活性化された第(1)項記載の胚幹細胞、
- (3) ネオマイシン耐性である第(1)項記載の胚幹細胞、
- (4) 非ヒト哺乳動物がゲッ歯動物である第(1)項記載の胚幹細胞、
- (5) ゲッ歯動物がマウスである第(4)項記載の胚幹細胞、
- (6) 本発明のDNAが不活性化された該DNA発現不全非ヒト哺乳動物、
- (7) 該DNAがレポーター遺伝子（例、大腸菌由来の β -ガラクトシダーゼ遺伝子）を導入することにより不活性化され、該レポーター遺伝子が本発明のDNAに対するプロモーターの制御下で発現しうる第(6)項記載の非ヒト哺乳動物、
- (8) 非ヒト哺乳動物がゲッ歯動物である第(6)項記載の非ヒト哺乳動物、
- (9) ゲッ歯動物がマウスである第(8)項記載の非ヒト哺乳動物、および
- (10) 第(7)項記載の動物に、試験化合物を投与し、レポーター遺伝子の発

現を検出することを特徴とする本発明のDNAに対するプロモーター活性を促進または阻害する化合物またはその塩のスクリーニング方法を提供する。

【0062】

本発明のDNAが不活性化された非ヒト哺乳動物胚幹細胞とは、該非ヒト哺乳動物が有する本発明のDNAに人為的に変異を加えることにより、DNAの発現能を抑制するか、もしくは該DNAがコードしている本発明のタンパク質の活性を実質的に喪失させることにより、DNAが実質的に本発明のタンパク質の発現能を有さない（以下、本発明のノックアウトDNAと称することがある）非ヒト哺乳動物の胚幹細胞（以下、ES細胞と略記する）をいう。

非ヒト哺乳動物としては、前記と同様のものが用いられる。

本発明のDNAに人為的に変異を加える方法としては、例えば、遺伝子工学的手法により該DNA配列の一部又は全部の削除、他DNAを挿入または置換させることによって行なうことができる。これらの変異により、例えば、コドンの読み取り枠をずらしたり、プロモーターあるいはエキソンの機能を破壊することにより本発明のノックアウトDNAを作製すればよい。

【0063】

本発明のDNAが不活性化された非ヒト哺乳動物胚幹細胞（以下、本発明のDNA不活性化ES細胞または本発明のノックアウトES細胞と略記する）の具体例としては、例えば、目的とする非ヒト哺乳動物が有する本発明のDNAを単離し、そのエキソン部分にネオマイシン耐性遺伝子、ハイグロマイシン耐性遺伝子を代表とする薬剤耐性遺伝子、あるいはlacZ（ β -ガラクトシダーゼ遺伝子）、cat（クロラムフェニコールアセチルトランスフェラーゼ遺伝子）を代表とするレポーター遺伝子等を挿入することによりエキソンの機能を破壊するか、あるいはエキソン間のイントロン部分に遺伝子の転写を終結させるDNA配列（例えば、polyA付加シグナルなど）を挿入し、完全なメッセンジャーRNAを合成できなくすることによって、結果的に遺伝子を破壊するように構築したDNA配列を有するDNA鎖（以下、ターゲッティングベクターと略記する）を、例えば相同組換え法により該動物の染色体に導入し、得られたES細胞について本発明のDNA上あるいはその近傍のDNA配列をプローブとしたサザンハイブ

リダイゼーション解析あるいはターゲッティングベクター上のDNA配列とターゲッティングベクター作製に使用した本発明のDNA以外の近傍領域のDNA配列をプライマーとしたPCR法により解析し、本発明のノックアウトES細胞を選別することにより得ることができる。

また、相同組換え法等により本発明のDNAを不活化させる元のES細胞としては、例えば、前述のような既に樹立されたものを用いてもよく、また公知 EvansとKaufmaの方法に準じて新しく樹立したものでもよい。例えば、マウスのES細胞の場合、現在、一般的には129系のES細胞が使用されているが、免疫学的背景がはっきりしていないので、これに代わる純系で免疫学的に遺伝的背景が明らかなES細胞を取得するなどの目的で例えば、C57BL/6マウスやC57BL/6の採卵数の少なさをDBA/2との交雑により改善したBDF₁マウス(C57BL/6とDBA/2とのF₁)を用いて樹立したものなども良好に用いる。BDF₁マウスは、採卵数が多く、かつ、卵が丈夫であるという利点に加えて、C57BL/6マウスを背景に持つので、これを用いて得られたES細胞は病態モデルマウスを作出したとき、C57BL/6マウスとバッククロスすることでその遺伝的背景をC57BL/6マウスに代えることが可能である点で有利に用い得る。

また、ES細胞を樹立する場合、一般には受精後3.5日目の胚盤胞を使用するが、これ以外に8細胞期胚を採卵し胚盤胞まで培養して用いることにより効率よく多数の初期胚を取得することができる。

また、雌雄いずれのES細胞を用いてもよいが、通常雄のES細胞の方が生殖系列キメラを作出するのに都合が良い。また、煩雑な培養の手間を削減するためにもできるだけ早く雌雄の判別を行なうことが望ましい。

【0064】

ES細胞の雌雄の判定方法としては、例えば、PCR法によりY染色体上の性決定領域の遺伝子を増幅、検出する方法が、その1例としてあげることができる。この方法を使用すれば、従来、核型分析をするのに約10⁶個の細胞数を要していたのに対して、1コロニー程度のES細胞数(約50個)で済むので、培養初期におけるES細胞の第一次セレクションを雌雄の判別で行なうことが可能で

あり、早期に雄細胞の選定を可能にしたことにより培養初期の手間は大幅に削減できる。

また、第二次セレクションとしては、例えば、G-バンディング法による染色体数の確認等により行うことができる。得られるES細胞の染色体数は正常数の100%が望ましいが、樹立の際の物理的操作等の関係上困難な場合は、ES細胞の遺伝子をノックアウトした後、正常細胞（例えば、マウスでは染色体数が $2n=40$ である細胞）に再びクローニングすることが望ましい。

このようにして得られた胚幹細胞株は、通常その増殖性は大変良いが、個体発生できる能力を失いやすいので、注意深く継代培養することが必要である。例えば、STO繊維芽細胞のような適当なフィーダー細胞上でLIF（1-10000 U/ml）存在下に炭酸ガス培養器内（好ましくは、5%炭酸ガス、95%空気または5%酸素、5%炭酸ガス、90%空気）で約37℃で培養するなどの方法で培養し、継代時には、例えば、トリプシン/EDTA溶液（通常0.001-0.5%トリプシン/0.1-5 mM EDTA、好ましくは約0.1%トリプシン/1 mM EDTA）処理により単細胞化し、新たに用意したフィーダー細胞上に播種する方法などがとられる。このような継代は、通常1-3日毎に行なうが、この際に細胞の観察を行い、形態的に異常な細胞が見受けられた場合はその培養細胞は放棄することが望まれる。

ES細胞は、適当な条件により、高密度に至るまで単層培養するか、または細胞集塊を形成するまで浮遊培養することにより、頭頂筋、内臓筋、心筋などの種々のタイプの細胞に分化させることが可能であり〔M. J. Evans及びM. H. Kaufman, ネイチャー (Nature) 第292巻、154頁、1981年; G. R. Martin プロシーディングス・オブ・ナショナル・アカデミー・オブ・サイエンス・ユーエスエー (Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.) 第78巻、7634頁、1981年; T. C. Doetschmanら、ジャーナル・オブ・エンブリオロジー・アンド・エクスペリメンタル・モルフォロジー、第87巻、27頁、1985年〕、本発明のES細胞を分化させて得られる本発明のDNA発現不全細胞は、インビトロにおける本発明のタンパク質の細胞生物学的検討において有用である。

【0065】

本発明のDNA発現不全非ヒト哺乳動物は、該動物のmRNA量を公知方法を用いて測定して間接的にその発現量を比較することにより、正常動物と区別することが可能である。

該非ヒト哺乳動物としては、前記と同様のものが用いられる。

本発明のDNA発現不全非ヒト哺乳動物は、例えば、前述のようにして作製したターゲッティングベクターをマウス胚幹細胞またはマウス卵細胞に導入し、導入によりターゲッティングベクターの本発明のDNAが不活性化されたDNA配列が遺伝子相同組換えにより、マウス胚幹細胞またはマウス卵細胞の染色体上の本発明のDNAと入れ換わる相同組換えをさせることにより、本発明のDNAをノックアウトさせることができる。

本発明のDNAがノックアウトされた細胞は、本発明のDNA上またはその近傍のDNA配列をプローブとしたサザンハイブリダイゼーション解析またはターゲッティングベクター上のDNA配列と、ターゲッティングベクターに使用したマウス由来の本発明のDNA以外の近傍領域のDNA配列とをプライマーとしたPCR法による解析で判定することができる。非ヒト哺乳動物胚幹細胞を用いた場合は、遺伝子相同組換えにより、本発明のDNAが不活性化された細胞株をクローニングし、その細胞を適当な時期、例えば、8細胞期の非ヒト哺乳動物胚または胚盤胞に注入し、作製したキメラ胚を偽妊娠させた該非ヒト哺乳動物の子宮に移植する。作出された動物は正常な本発明のDNA座をもつ細胞と人為的に変異した本発明のDNA座をもつ細胞との両者から構成されるキメラ動物である。

該キメラ動物の生殖細胞の一部が変異した本発明のDNA座をもつ場合、このようなキメラ個体と正常個体を交配することにより得られた個体群より、全ての組織が人為的に変異を加えた本発明のDNA座をもつ細胞で構成された個体を、例えば、コートカラーの判定等により選別することにより得られる。このようにして得られた個体は、通常、本発明のタンパク質のヘテロ発現不全個体であり、本発明のタンパク質のヘテロ発現不全個体同志を交配し、それらの産仔から本発明のタンパク質のホモ発現不全個体を得ることができる。

【0066】

卵細胞を使用する場合は、例えば、卵細胞核内にマイクロインジェクション法

でDNA溶液を注入することによりターゲッティングベクターを染色体内に導入したトランスジェニック非ヒト哺乳動物を得ることができ、これらのトランスジェニック非ヒト哺乳動物に比べて、遺伝子相同組換えにより本発明のDNA座に変異のあるものを選択することにより得られる。

このようにして本発明のDNAがノックアウトされている個体は、交配により得られた動物個体も該DNAがノックアウトされていることを確認して通常の飼育環境で飼育継代を行なうことができる。

さらに、生殖系列の取得および保持についても常法に従えばよい。すなわち、該不活化DNAの保有する雌雄の動物を交配することにより、該不活化DNAを相同染色体の両方に持つホモザイゴート動物を取得しうる。得られたホモザイゴート動物は、母親動物に対して、正常個体1，ホモザイゴート複数になるような状態で飼育することにより効率的に得ることができる。ヘテロザイゴート動物の雌雄を交配することにより、該不活化DNAを有するホモザイゴートおよびヘテロザイゴート動物を繁殖継代する。

本発明のDNAが不活性化された非ヒト哺乳動物胚幹細胞は、本発明のDNA発現不全非ヒト哺乳動物を作出する上で、非常に有用である。

また、本発明のDNA発現不全非ヒト哺乳動物は、本発明のタンパク質により誘導され得る種々の生物活性を欠失するため、本発明のタンパク質の生物活性の不活性化を原因とする疾病のモデルとなり得るので、これらの疾病の原因究明及び治療法の検討に有用である。

【0067】

(8a) 本発明のDNAの欠損や損傷などに起因する疾病に対して治療・予防効果を有する化合物のスクリーニング方法

本発明のDNA発現不全非ヒト哺乳動物は、本発明のDNAの欠損や損傷などに起因する疾病に対して治療・予防効果を有する化合物のスクリーニングに用いることができる。

すなわち、本発明は、本発明のDNA発現不全非ヒト哺乳動物に試験化合物を投与し、該動物の変化を観察・測定することを特徴とする、本発明のDNAの欠損や損傷などに起因する疾病、例えば癌などに対して治療・予防効果を有する化

合物またはその塩のスクリーニング方法を提供する。

該スクリーニング方法において用いられる本発明のDNA発現不全非ヒト哺乳動物としては、前記と同様のものがあげられる。

試験化合物としては、例えば、ペプチド、タンパク、非ペプチド性化合物、合成化合物、発酵生産物、細胞抽出液、植物抽出液、動物組織抽出液、血漿などがあげられ、これら化合物は新規な化合物であってもよいし、公知の化合物であってもよい。

具体的には、本発明のDNA発現不全非ヒト哺乳動物を、試験化合物で処理し、無処理の対照動物と比較し、該動物の各器官、組織、疾病の症状などの変化を指標として試験化合物の治療・予防効果を試験することができる。

試験動物を試験化合物で処理する方法としては、例えば、経口投与、静脈注射などが用いられ、試験動物の症状、試験化合物の性質などにあわせて適宜選択することができる。また、試験化合物の投与量は、投与方法、試験化合物の性質などにあわせて適宜選択することができる。

【0068】

例えば大腸癌、乳癌、肺癌、前立腺癌、食道癌、胃癌、肝臓癌、胆道癌、脾臓癌、腎癌、膀胱癌、子宮癌、精巣癌、甲状腺癌、膵臓癌、脳腫瘍または血液腫瘍などの癌に対して治療・予防効果を有する化合物をスクリーニングする場合、本発明のDNA発現不全非ヒト哺乳動物に試験化合物を投与し、試験化合物非投与群と癌の発症度合いの違いや癌の治療度合いの違いを上記組織で経時的に観察する。

該スクリーニング方法において、試験動物に試験化合物を投与した場合、該試験動物の上記疾患症状が約10%以上、好ましくは約30%以上、より好ましくは約50%以上改善した場合、該試験化合物を上記の疾患に対して治療・予防効果を有する化合物として選択することができる。

該スクリーニング方法を用いて得られる化合物は、上記した試験化合物から選ばれた化合物であり、本発明のタンパク質の欠損や損傷などによって引き起こされる疾患に対して治療・予防効果を有するので、該疾患に対する安全で低毒性な予防・治療剤などの医薬として使用することができる。さらに、上記スクリーニ

ングで得られた化合物から誘導される化合物も同様に用いることができる。

該スクリーニング方法で得られた化合物は塩を形成していてもよく、該化合物の塩としては、生理学的に許容される酸（例、無機酸、有機酸など）や塩基（例、アルカリ金属など）などとの塩が用いられ、とりわけ生理学的に許容される酸付加塩が好ましい。この様な塩としては、例えば、無機酸（例えば、塩酸、リン酸、臭化水素酸、硫酸など）との塩、あるいは有機酸（例えば、酢酸、ギ酸、プロピオン酸、フマル酸、マレイン酸、コハク酸、酒石酸、クエン酸、リンゴ酸、蔞酸、安息香酸、メタンスルホン酸、ベンゼンスルホン酸など）との塩などが用いられる。

該スクリーニング方法で得られた化合物またはその塩を含有する医薬は、前記した本発明のタンパク質を含有する医薬と同様にして製造することができる。

このようにして得られる製剤は、安全で低毒性であるので、例えば、ヒトまたは哺乳動物（例えば、ラット、マウス、モルモット、ウサギ、ヒツジ、ブタ、ウシ、ウマ、ネコ、イヌ、サルなど）に対して投与することができる。

該化合物またはその塩の投与量は、対象疾患、投与対象、投与ルートなどにより差異はあるが、例えば、該化合物を経口投与する場合、一般的に成人（体重 60 kg として）の乳癌患者においては、一日につき該化合物を約 0.1 ~ 100 mg、好ましくは約 1.0 ~ 50 mg、より好ましくは約 1.0 ~ 20 mg 投与する。非経口的に投与する場合は、該化合物の 1 回投与量は投与対象、対象疾患などによっても異なるが、例えば、該化合物を注射剤の形で通常成人（60 kg として）の乳癌患者に投与する場合、一日につき該化合物を約 0.01 ~ 30 mg 程度、好ましくは約 0.1 ~ 20 mg 程度、より好ましくは約 0.1 ~ 10 mg 程度を静脈注射により投与するのが好都合である。他の動物の場合も、60 kg 当たりに換算した量を投与することができる。

【0069】

(8b) 本発明の DNA に対するプロモーターの活性を促進または阻害する化合物をスクリーニング方法

本発明は、本発明の DNA 発現不全非ヒト哺乳動物に、試験化合物を投与し、レポーター遺伝子の発現を検出することを特徴とする本発明の DNA に対するプ

ロモーターの活性を促進または阻害する化合物またはその塩のスクリーニング方法を提供する。

上記スクリーニング方法において、本発明のDNA発現不全非ヒト哺乳動物としては、前記した本発明のDNA発現不全非ヒト哺乳動物の中でも、本発明のDNAがレポーター遺伝子を導入することにより不活性化され、該レポーター遺伝子が本発明のDNAに対するプロモーターの制御下で発現しうるものが用いられる。

試験化合物としては、前記と同様のものがあげられる。

レポーター遺伝子としては、前記と同様のものが用いられ、 β -ガラクトシダーゼ遺伝子 (lacZ)、可溶性アルカリフォスファターゼ遺伝子またはルシフェラーゼ遺伝子などが好適である。

本発明のDNAをレポーター遺伝子で置換された本発明のDNA発現不全非ヒト哺乳動物では、レポーター遺伝子が本発明のDNAに対するプロモーターの支配下に存在するので、レポーター遺伝子がコードする物質の発現をトレースすることにより、プロモーターの活性を検出することができる。

例えば、本発明のタンパク質をコードするDNA領域の一部を大腸菌由来の β -ガラクトシダーゼ遺伝子 (lacZ) で置換している場合、本来、本発明のタンパク質の発現する組織で、本発明のタンパク質の代わりに β -ガラクトシダーゼが発現する。従って、例えば、5-プロモ-4-クロロ-3-インドリル- β -ガラクトピラノシド (X-gal) のような β -ガラクトシダーゼの基質となる試薬を用いて染色することにより、簡便に本発明のタンパク質の動物生体内における発現状態を観察することができる。具体的には、本発明のタンパク質欠損マウスまたはその組織切片をグルタルアルデヒドなどで固定し、リン酸緩衝生理食塩液 (PBS) で洗浄後、X-galを含む染色液で、室温または37℃付近で、約30分ないし1時間反応させた後、組織標本を1mM EDTA/PBS溶液で洗浄することによって、 β -ガラクトシダーゼ反応を停止させ、呈色を観察すればよい。また、常法に従い、lacZをコードするmRNAを検出してもよい。

上記スクリーニング方法を用いて得られる化合物またはその塩は、上記した試

験化合物から選ばれた化合物であり、本発明のDNAに対するプロモーター活性を促進または阻害する化合物である。

該スクリーニング方法で得られた化合物は塩を形成していてもよく、該化合物の塩としては、生理学的に許容される酸（例、無機酸など）や塩基（例、アルカリ金属など）などとの塩が用いられ、とりわけ生理学的に許容される酸付加塩が好ましい。この様な塩としては、例えば、無機酸（例えば、塩酸、リン酸、臭化水素酸、硫酸など）との塩、あるいは有機酸（例えば、酢酸、ギ酸、プロピオン酸、フマル酸、マレイン酸、コハク酸、酒石酸、クエン酸、リンゴ酸、蔞酸、安息香酸、メタンスルホン酸、ベンゼンスルホン酸など）との塩などが用いられる。

【0070】

本発明のDNAに対するプロモーター活性を阻害する化合物またはその塩は、本発明のタンパク質の発現の阻害、該タンパク質の機能を阻害することができるので、例えば大腸癌、乳癌、肺癌、前立腺癌、食道癌、胃癌、肝臓癌、胆道癌、脾臓癌、腎癌、膀胱癌、子宮癌、精巣癌、甲状腺癌、膵臓癌、脳腫瘍または血液腫瘍などの癌の予防・治療剤として有用である。

さらに、上記スクリーニングで得られた化合物から誘導される化合物も同様に用いることができる。

該スクリーニング方法で得られた化合物またはその塩を含有する医薬は、前記した本発明のタンパク質またはその塩を含有する医薬と同様にして製造することができる。

このようにして得られる製剤は、安全で低毒性であるので、例えば、ヒトまたは哺乳動物（例えば、ラット、マウス、モルモット、ウサギ、ヒツジ、ブタ、ウシ、ウマ、ネコ、イヌ、サルなど）に対して投与することができる。

該化合物またはその塩の投与量は、対象疾患、投与対象、投与ルートなどにより差異はあるが、例えば、本発明のDNAに対するプロモーター活性を阻害する化合物を経口投与する場合、一般的に成人（体重60kgとして）の乳癌患者においては、一日につき該化合物を約0.1～100mg、好ましくは約1.0～50mg、より好ましくは約1.0～20mg投与する。非経口的に投与する場

合は、該化合物の1回投与量は投与対象、対象疾患などによっても異なるが、例えば、本発明のDNAに対するプロモーター活性を阻害する化合物を注射剤の形で通常成人（60kgとして）の乳癌患者に投与する場合、一日につき該化合物を約0.01～30mg程度、好ましくは約0.1～20mg程度、より好ましくは約0.1～10mg程度を静脈注射により投与するのが好都合である。他の動物の場合も、60kg当りに換算した量を投与することができる。

このように、本発明のDNA発現不全非ヒト哺乳動物は、本発明のDNAに対するプロモーターの活性を促進または阻害する化合物またはその塩をスクリーニングする上で極めて有用であり、本発明のDNA発現不全に起因する各種疾患の原因究明または予防・治療剤の開発に大きく貢献することができる。

また、本発明のタンパク質のプロモーター領域を含有するDNAを使って、その下流に種々のタンパクをコードする遺伝子を連結し、これを動物の卵細胞に注入していわゆるトランスジェニック動物（遺伝子移入動物）を作成すれば、特異的にそのタンパク質を合成させ、その生体での作用を検討することも可能となる。さらに上記プロモーター部分に適当なレポーター遺伝子を結合させ、これが発現するような細胞株を樹立すれば、本発明のタンパク質そのものの体内での産生能力を特異的に促進もしくは抑制する作用を持つ低分子化合物の探索系として使用できる。

【0071】

本明細書において、塩基やアミノ酸などを略号で表示する場合、IUPAC-IUB Commission on Biochemical Nomenclature による略号あるいは当該分野における慣用略号に基づくものであり、その例を下記する。またアミノ酸に関し光学異性体があり得る場合は、特に明示しなければL体を示すものとする。

DNA	: デオキシリボ核酸
cDNA	: 相補的デオキシリボ核酸
A	: アデニン
T	: チミン
G	: グアニン
C	: シトシン

RNA	: リボ核酸
mRNA	: メッセンジャーリボ核酸
dATP	: デオキシアデノシン三リン酸
dTTP	: デオキシチミジン三リン酸
dGTP	: デオキシグアノシン三リン酸
dCTP	: デオキシシチジン三リン酸
ATP	: アデノシン三リン酸
EDTA	: エチレンジアミン四酢酸
SDS	: ドデシル硫酸ナトリウム
Gly	: グリシン
Ala	: アラニン
Val	: バリン
Leu	: ロイシン
Ile	: イソロイシン
Ser	: セリン
Thr	: スレオニン
Cys	: システイン
Met	: メチオニン
Glu	: グルタミン酸
Asp	: アスパラギン酸
Lys	: リジン
Arg	: アルギニン
His	: ヒスチジン
Phe	: フェニルアラニン
Tyr	: チロシン
Trp	: トリプトファン
Pro	: プロリン
Asn	: アスパラギン
Gln	: グルタミン

p G l u : ピログルタミン酸
S e c : セレノシステイン (selenocysteine)

【0072】

また、本明細書中で繁用される置換基、保護基および試薬を下記の記号で表記する。

Me : メチル基
Et : エチル基
Bu : ブチル基
Ph : フェニル基
TC : チアゾリジン-4 (R) -カルボキサミド基
Tos : p-トルエンスルフォニル
CHO : ホルミル
Bzl : ベンジル
Cl₂-Bzl : 2, 6-ジクロロベンジル
Bom : ベンジルオキシメチル
Z : ベンジルオキシカルボニル
Cl-Z : 2-クロロベンジルオキシカルボニル
Br-Z : 2-ブロモベンジルオキシカルボニル
Boc : t-ブトキシカルボニル
DNP : ジニトロフェニル
Trt : トリチル
Bum : t-ブトキシメチル
Fmoc : N-9-フルオレニルメトキシカルボニル
HOBt : 1-ヒドロキシベンズトリアゾール
HOObt : 3, 4-ジヒドロ-3-ヒドロキシ-4-オキソ-
1, 2, 3-ベンゾトリアジン
HONB : 1-ヒドロキシ-5-ノルボルネン-2, 3-ジカルボキシイミド
DCC : N, N'-ジシクロヘキシルカルボジイミド

【0073】

本願明細書の配列表の配列番号は、以下の配列を示す。

〔配列番号：1〕

FLJ20539のアミノ酸配列を示す。

〔配列番号：2〕

配列番号：1で表されるアミノ酸配列を有するFLJ20539をコードするDNAの塩基配列を示す。

〔配列番号：3〕

FLJ20539をコードする全長遺伝子を含むDNAの塩基配列を示す。

〔配列番号：4〕

hCP50177のアミノ酸配列を示す。

〔配列番号：5〕

配列番号：4で表されるアミノ酸配列を有するhCP50177のDNAの塩基配列を示す。

〔配列番号：6〕

hCP50177の全長遺伝子を含むDNAの塩基配列を示す。

〔配列番号：7〕

hCP1762319のアミノ酸配列を示す。

〔配列番号：8〕

配列番号：7で表されるアミノ酸配列を有するhCP1762319のDNAの塩基配列を示す。

〔配列番号：9〕

hCP1762319の全長遺伝子を含むDNAの塩基配列を示す。

〔配列番号：10〕

FLJ13515のアミノ酸配列を示す。

〔配列番号：11〕

配列番号：10で表されるアミノ酸配列を有するFLJ13515をコードするDNAの塩基配列を示す。

〔配列番号：12〕

FLJ13515をコードする全長遺伝子を含むDNAの塩基配列を示す。

〔配列番号：13〕

実施例2で用いられたアンチセンスオリゴヌクレオチドの塩基配列を示す。

〔配列番号：14〕

実施例2で用いられたオリゴヌクレオチドの塩基配列を示す。

〔配列番号：15〕

TACT427-Aのアミノ酸配列を示す。

〔配列番号：16〕

配列番号：15で表されるアミノ酸配列を有するTACT427-AをコードするDNAの塩基配列を示す。

〔配列番号：17〕

TACT427-A2のアミノ酸配列を示す。

〔配列番号：18〕

配列番号：17で表されるアミノ酸配列を有するTACT427-A2をコードするDNAの塩基配列を示す。

〔配列番号：19〕

TACT427-AおよびTACT427-A2をコードする全長遺伝子を含むDNAの塩基配列を示す。

〔配列番号：20〕

TACT427-Bのアミノ酸配列を示す。

〔配列番号：21〕

配列番号：20で表されるアミノ酸配列を有するTACT427-BをコードするDNAの塩基配列を示す。

〔配列番号：22〕

TACT427-B2のアミノ酸配列を示す。

〔配列番号：23〕

配列番号：22で表されるアミノ酸配列を有するTACT427-B2をコードするDNAの塩基配列を示す。

〔配列番号：24〕

TACT427-BおよびTACT427-B2をコードする全長遺伝子を含む

むDNAの塩基配列を示す。

〔配列番号：25〕

TACT427-Cのアミノ酸配列を示す。

〔配列番号：26〕

配列番号：25で表されるアミノ酸配列を有するTACT427-CをコードするDNAの塩基配列を示す。

〔配列番号：27〕

TACT427-C2のアミノ酸配列を示す。

〔配列番号：28〕

配列番号：27で表されるアミノ酸配列を有するTACT427-C2をコードするDNAの塩基配列を示す。

〔配列番号：29〕

TACT427-CおよびTACT427-C2をコードする全長遺伝子を含むDNAの塩基配列を示す。

〔配列番号：30〕

実施例3で用いられたプライマー1の塩基配列を示す。

〔配列番号：31〕

実施例3で用いられたプライマー2の塩基配列を示す。

〔配列番号：32〕

実施例4で用いられたプライマー3の塩基配列を示す。

〔配列番号：33〕

実施例4で用いられたプライマー4の塩基配列を示す。

〔配列番号：34〕

実施例5で用いられたプライマー5の塩基配列を示す。

〔配列番号：35〕

実施例5用いられたプライマー6の塩基配列を示す。

後述の実施例4で得られた形質転換体Escherichia coli TOP10/47427A/pCR-BI
untII-TOP0は、2002年12月3日から茨城県つくば市東1丁目1番地1 中
央第6（郵便番号305-8566）の独立行政法人産業技術総合研究所 特許

生物寄託センターに寄託番号FERM BP-8253として寄託されている。

後述の実施例4で得られた形質転換体*Escherichia coli* TOP10/47427B/pCR-B1untII-TOP0は、2002年12月3日から茨城県つくば市東1丁目1番地1 中央第6（郵便番号305-8566）の独立行政法人産業技術総合研究所 特許生物寄託センターに寄託番号FERM BP-8254として寄託されている。

後述の実施例5で得られた形質転換体*Escherichia coli* TOP10/47427C/pCR-B1untII-TOP0は、2002年12月3日から茨城県つくば市東1丁目1番地1 中央第6（郵便番号305-8566）の独立行政法人産業技術総合研究所 特許生物寄託センターに寄託番号FERM BP-8255として寄託されている。

【0074】

【発明の実施の形態】

以下において、実施例により本発明をより具体的にするが、この発明はこれらに限定されるものではない。

【実施例】

実施例1

乳がん組織および肺がん組織で特異的に発現亢進している遺伝子群を明らかにするため、乳がん組織8例、正常乳房組織4例から抽出されたtotal RNA（表1）、および肺がん組織4例、正常肺組織5例から抽出されたtotal RNA（表3）を材料とし、oligonucleotide microarray（Human Genome U95A, U95B, U95C, U95D, U95E; Affymetrix社）を用いて遺伝子発現解析を行った。

実験方法は、Affymetrix社の実験手引き書（Expression analysis technical manual）に従った。その結果、乳がん組織（lot.0009-192-00101、lot.0009-192-00120、lot.0009-192-00153、lot.0009-192-00178）および肺がん組織（lot.0009-192-00122、lot.0011-192-01293、lot.0011-192-01297）においてそれぞれ正常乳房組織、正常肺組織に比べ、（1）FLJ20539遺伝子（配列番号：2）、FLJ20539関連遺伝子であるhCP50177遺伝子（配列番号：5）、FLJ20539関連遺伝子であるhCP1762319遺伝子（配列番号：8）ならびにFLJ13515遺伝子（配列番号：11）、および（2）後述の実施例4または実施例5で得られたTACT427-A遺伝子（配列番号：16）、TACT427-A2遺伝子（配列番号：18）、TACT427-B遺伝子（

配列番号：2 1）、TACT427-B2遺伝子（配列番号：2 3）、TACT427-C遺伝子（配列番号：2 6）ならびにTACT427-C2遺伝子（配列番号：2 8）の発現亢進が検出された（表 2 および表 4）。

【0 0 7 5】

【表 1】

RNAを抽出した組織	販売元
乳がん組織（lot.0009-192-00101）	BioClinical Partners 社
乳がん組織（lot.0009-192-00120）	BioClinical Partners 社
乳がん組織（lot.0009-192-00153）	BioClinical Partners 社
乳がん組織（lot.0009-192-00155）	BioClinical Partners 社
乳がん組織（lot.0009-192-00157）	BioClinical Partners 社
乳がん組織（lot.0009-192-00178）	BioClinical Partners 社
乳がん組織（lot.0011-192-01284）	BioClinical Partners 社
乳がん組織（lot.0011-192-01287）	BioClinical Partners 社
正常乳房組織（lot.0008-192-00404）	BioClinical Partners 社
正常乳房組織（lot.0008-192-00422）	BioClinical Partners 社
正常乳房組織（lot.0009-192-00153）	BioClinical Partners 社
正常乳房組織（lot.0011-192-01286）	BioClinical Partners 社

【表 2】

組織	遺伝子発現量
乳がん組織 (lot.0009-192-00101)	3.7
乳がん組織 (lot.0009-192-00120)	9.0
乳がん組織 (lot.0009-192-00153)	2.1
乳がん組織 (lot.0009-192-00155)	ND
乳がん組織 (lot.0009-192-00157)	0.54
乳がん組織 (lot.0009-192-00178)	2.1
乳がん組織 (lot.0011-192-01284)	ND
乳がん組織 (lot.0011-192-01287)	ND
正常乳房組織 (lot.0008-192-00404)	ND
正常乳房組織 (lot.0008-192-00422)	ND
正常乳房組織 (lot.0009-192-00153)	1.6
正常乳房組織 (lot.0011-192-01286)	1.2

遺伝子発現量は、oligonucleotide microarrayで発現が
検出された全遺伝子の発現量の中央値を1として標準化した。

ND; not detected

【表 3】

RNAを抽出した組織	販売元
肺がん組織 (lot.0009-192-00122)	BioClinical Partners 社
肺がん組織 (lot.0011-192-01285)	BioClinical Partners 社
肺がん組織 (lot.0011-192-01293)	BioClinical Partners 社
肺がん組織 (lot.0011-192-01297)	BioClinical Partners 社
正常肺組織 (lot.0009-192-00150)	BioClinical Partners 社
正常肺組織 (lot.0009-192-00168)	BioClinical Partners 社
正常肺組織 (lot.0011-192-01283)	BioClinical Partners 社
正常肺組織 (lot.0011-192-01285)	BioClinical Partners 社
正常肺組織 (lot.0011-192-01297)	BioClinical Partners 社

【表 4】

組織	遺伝子発現量
肺がん組織 (lot.0009-192-00122)	2.8
肺がん組織 (lot.0011-192-01285)	0.67
肺がん組織 (lot.0011-192-01293)	1.3
肺がん組織 (lot.0011-192-01297)	1.5
正常肺組織 (lot.0009-192-00150)	ND
正常肺組織 (lot.0009-192-00168)	0.38
正常肺組織 (lot.0011-192-01283)	ND
正常肺組織 (lot.0011-192-01285)	ND
正常肺組織 (lot.0011-192-01297)	ND

遺伝子発現量は、oligonucleotide microarrayで発現が
検出された全遺伝子の発現量の中央値を1として標準化した。

ND; not detected

【0 0 7 6】

実施例 2

本発明の蛋白質遺伝子の発現を抑制することにより、ヒト肺がん細胞株のアポトーシスが誘発されるか否かを調べた。

まず、アメリカンタイプカルチャーコレクション (ATCC) より購入したヒト非小細胞肺がん細胞株NCI-H460を、RPMI-1640培地 (25mM HEPES含有) (Invitrogen社) に牛胎仔血清 (ATCC) を10%加えた培地で懸濁し、1ウェル当たり4000個の細胞密度で96穴平底組織培養プレート (BDファルコン社) に播種した。5%炭酸ガス気流中、37℃で一晩培養した後、アンチセンスオリゴヌクレオチドをトランスフェクションした。

具体的には、(1) FLJ20539遺伝子 (配列番号: 2)、FLJ20539関連遺伝子であるhCP50177遺伝子 (配列番号: 5)、FLJ20539関連遺伝子であるhCP1762319遺伝子 (配列番号: 8) ならびにFLJ13515遺伝子 (配列番号: 11)、および(2) 後述の実施例4または実施例5で得られたTACT427-A遺伝子 (配列番号: 16)、TACT427-A2遺伝子 (配列番号: 18)、TACT427-B遺伝子 (配列番号: 21)、TACT427-B2遺伝子 (配列番号: 23)、TACT427-C遺伝子 (配列番号: 26) ならびにTACT427-C2遺伝子 (配列番号: 28) のタンパク質コード領域配列または3'非翻訳領域にハイブリダイズするアンチセンスオリゴヌクレオチド配列 (配列番号: 13) を設計後、phosphorothioate化オリゴヌクレオチドを合成し、HPLC精製して導入実験に用いた (以下、アンチセンスオリゴヌクレオチドと略する)。コントロールとしては、配列番号: 13で示される塩基配列のリバーサ配列 (配列番号: 14) を同様にphosphorothioate化し、HPLC精製して用いた (以下、コントロールオリゴヌクレオチドと略する)。

アンチセンスオリゴヌクレオチドまたはコントロールオリゴヌクレオチドを、Opti-MEM (Invitrogen社) で希釈し、さらにFuGENE6試薬 (Roche Diagnostics社) を4倍量 ($4\mu\text{L}/\mu\text{g}$ オリゴヌクレオチド) の割合で加えた混合液を室温で30分間放置した。このオリゴヌクレオチド溶液を、1ウェル当たり $40\mu\text{L}$ の割合でプレートに添加した。オリゴヌクレオチドの終濃度は140nMとなるよう調整した。上記の条件で更に3日間培養した後、Cell Death Detection ELISA^{PLUS}キット (Roche Diagnostics社) を用いて、添付プロトコールに従い上記オリゴヌクレオチドのアポトーシス誘導活性を測定した。

その結果、アンチセンスオリゴヌクレオチドは陰性対照として用いたコントロールオリゴヌクレオチドに比べ、約2.8倍のアポトーシス誘導活性を示し、統計学的に有意な差 ($P=0.0005$) を示した (表5)。

【表5】

	アポトーシス誘導活性 ($A_{405} - A_{492}$)	
	平均値	標準偏差
ブランク	0. 2 9 7	0. 0 5 3
コントロールオリゴヌクレオチド (配列番号: 1 4)	0. 7 6 4	0. 0 9 6
アンチセンスオリゴヌクレオチド (配列番号: 1 3)	1. 5 7	0. 0 9 3

【0077】

実施例3

アンチセンスオリゴヌクレオチド投与により、(1) FLJ20539遺伝子 (配列番号: 2)、FLJ20539関連遺伝子であるhCP50177遺伝子 (配列番号: 5)、FLJ20539関連遺伝子であるhCP1762319遺伝子 (配列番号: 8) ならびにFLJ13515遺伝子 (配列番号: 11)、および(2) 後述の実施例4または実施例5で得られたTACT427-A遺伝子 (配列番号: 16)、TACT427-A2遺伝子 (配列番号: 18)、TACT427-B遺伝子 (配列番号: 21)、TACT427-B2遺伝子 (配列番号: 23)、TACT427-C遺伝子 (配列番号: 26) ならびにTACT427-C2遺伝子 (配列番号: 28) の発現量が低下するか否か調べた。

実施例2で用いたヒト非小細胞肺癌細胞株NCI-H460を実施例2と同じ培地に懸濁し、1ウェル当たり2万4千個の細胞密度で24穴平底組織培養プレート (BDファルコン社) に播種した。5%炭酸ガス気流中、37℃で一晩培養した後、アンチセンスオリゴヌクレオチドとコントロールオリゴヌクレオチドをトランスフェクションした。オリゴヌクレオチド溶液の添加量は1ウェル当たり390 μ Lとし、オリゴヌクレオチドの終濃度は200nMとなるよう調整した。トランスフェクション後、5%炭酸ガス気流中、37℃で24時間培養を継続した後にRNeasy Mini Total RNA Kit (QIAGEN社) を用いてトータルRNAを抽出した。約400ngのトータル

RNAを鋳型として、TaqMan Reverse Transcription Reagents (Applied Biosystems社) を用いて添付プロトコルに従い逆転写反応を行った。トータルRNAにして10ngに相当するcDNAを鋳型とし、2種類のプライマー〔プライマー1 (配列番号: 30) およびプライマー2 (配列番号: 31)〕とSYBR Green PCR Master Mix (Applied Biosystems社) を用いて、(1) FLJ20539遺伝子 (配列番号: 2)、FLJ20539関連遺伝子であるhCP50177遺伝子 (配列番号: 5)、FLJ20539関連遺伝子であるhCP1762319遺伝子 (配列番号: 8) ならびにFLJ13515遺伝子 (配列番号: 11)、および(2) 後述の実施例4で得られたTACT427-A遺伝子 (配列番号: 16)、TACT427-A2遺伝子 (配列番号: 18)、TACT427-B遺伝子 (配列番号: 21)、TACT427-B2遺伝子 (配列番号: 23)、TACT427-C遺伝子 (配列番号: 26) ならびにTACT427-C2遺伝子 (配列番号: 28) の発現コピー数を測定した。

同量の鋳型cDNA中に含まれる β -アクチン遺伝子発現量をTaqMan β -actin Control Reagents (Applied Biosystems社) を用いて測定し内部標準とした。アンチセンスオリゴヌクレオチドをトランスフェクションしない場合には、上記10遺伝子の発現量は β -アクチン遺伝子の発現量の0.10%であったのに対し、配列番号: 13で示されるアンチセンスオリゴヌクレオチド投与群では0.046%であり統計学的に有意 ($P \leq 0.05$) な発現量低下が認められた。一方、コントロールオリゴヌクレオチド (配列番号: 14) 投与群では0.088%であり非トランスフェクション群と比べて統計学的に有意な発現量低下は認められなかった。この結果より、上記10遺伝子の発現量の低下によりヒト肺がん細胞株のアポトーシスが誘発されたことが示された。

【0078】

実施例4

ヒト脳由来蛋白質TACT427-A、TACT427-A2、TACT427-BおよびTACT427-B2をコードするcDNAのクローニングと塩基配列の決定

ヒト脳Marathon-Ready cDNA (CLONTECH社) を鋳型とし、2種のプライマー〔プライマー3 (配列番号: 32) およびプライマー4 (配列番号: 33)〕を用いてPCR反応を行った。該反応における反応液の組成は上記cDNA 1 μ lを

鋳型として使用し、PfuTurbo DNA Polymerase (STRATAGENE社) 6.25 U、プライマー3 (配列番号: 32) およびプライマー4 (配列番号: 33) を各1.0 μ M、dNTPsを200 μ M、およびPfu Buffer (STRATAGENE社) を5 μ l 加え、50 μ lの液量とした。PCR反応は、95 $^{\circ}$ C・1分の後、95 $^{\circ}$ C・10秒、55 $^{\circ}$ C・30秒、72 $^{\circ}$ C・6分のサイクルを40回繰り返した。該PCR反応産物をPCR Purification Kit (QIAGEN社) を用いて精製した。これをZero Blunt TOPO PCRクローニングキット (Invitrogen社) の処方に従いプラスミドベクターpCR-BluntII-TOPO (Invitrogen社) へサブクローニングした。これを大腸菌TOP10に導入し、cDNAを持つクローンをカナマイシンを含むLB寒天培地中で選択した。個々のクローンの配列を解析した結果、配列番号: 16 および配列番号: 21 で表されるcDNAの塩基配列をそれぞれ得た。

配列番号: 3 で表されるFLJ20539全長遺伝子塩基配列の1~160番目および2483~2755番目の塩基配列を、配列番号: 16 で表される塩基配列の5' 端および3' 端にそれぞれ付加した塩基配列を、配列番号: 19 に示す。

配列番号: 3 で表されるFLJ20539全長遺伝子塩基配列の1~160番目および2483~2755番目の塩基配列を、配列番号: 21 で表される塩基配列の5' 端および3' 端にそれぞれ付加した塩基配列を、配列番号: 24 に示す。

配列番号: 16 で表される塩基配列を有するDNA断片を有するプラスミドをTACT427-A/pCR-BluntII-TOPOと、配列番号: 21 で表される塩基配列を有するDNA断片を有するプラスミドをTACT427-B/pCR-BluntII-TOPOと名付けた。

配列番号: 16 で表される塩基配列がコードするアミノ酸配列 (配列番号: 15) を含有するタンパク質をTACT427-Aと命名した。

配列番号: 21 で表される塩基配列がコードするアミノ酸配列 (配列番号: 20) を含有するタンパク質をTACT427-Bと命名した。

さらに、プラスミドTACT427-A/pCR-BluntII-TOPOが導入された形質転換体をEscherichia coli TOP10/47427A/pCR-BluntII-TOPOと、プラスミドTACT427-B/pCR-BluntII-TOPOが導入された形質転換体をEscherichia coli TOP10/47427B/pCR-BluntII-TOPOとそれぞれ命名した。

TACT427-Bのアミノ酸配列 (配列番号: 20) では、TACT427-Aのアミノ酸配列

(配列番号: 15) の278番目のArgがGlnに、825番目のGluがLysに、826番目のAlaがProに、970番目のValがAlaにそれぞれ置換され、340番目のSerが欠失している。

TACT427-BをコードするDNAの塩基配列 (配列番号: 21) では、TACT427-AをコードするDNAの塩基配列 (配列番号: 16) の833番目のgがaに、1482番目のgがcに、1590番目のaがgに、2473番目のgがaに、2476番目のgがcに、2909番目のtがcにそれぞれ置換され、1015~1017番目のagcが欠失している。

TACT427-Aのアミノ酸配列の1~4番目のアミノ酸配列が欠失している配列を配列番号: 17に示す。配列番号: 17で示されるアミノ酸配列を有するタンパク質をTACT427-A2と命名する。TACT427-A2をコードするDNAの塩基配列を配列番号: 18に示す。

TACT427-Bのアミノ酸配列の1~4番目のアミノ酸配列が欠失している配列を配列番号: 22に示す。配列番号: 22で示されるアミノ酸配列を有するタンパク質をTACT427-B2と命名する。TACT427-B2をコードするDNAの塩基配列を配列番号: 23に示す。

TACT427-AをコードするDNAの塩基配列 (配列番号: 16) は、ヒトではFLJ20539をコードするDNAの塩基配列 (配列番号: 2) に最も高い相同性を示した。配列番号: 16で表される塩基配列の1~138番目および889~3072番目の塩基配列に対しては、配列番号: 2で表される塩基配列の1~138番目および139~2322番目の塩基配列が対応し、各部分配列において、99.3%および100%の相同性をそれぞれ示す。FLJ20539をコードするDNAの塩基配列 (配列番号: 2) は、TACT427-AをコードするDNAの塩基配列 (配列番号: 16) の139~888番目に相当する塩基配列を欠いていることより、この配列はTACT427-Aに特異的な配列である。

TACT427-A2、TACT427-BおよびTACT427-B2についても、TACT427-Aと同様に、FLJ20539に最も高い相同性を示し、かつ、同様な塩基置換および塩基配列の欠失を有する。

TACT427-Aのアミノ酸配列 (配列番号: 15) の735~792番目までのアミノ酸配列、TACT427-A2のアミノ酸配列 (配列番号: 17) の731~788番目までのア

ミノ酸配列、TACT427-Bのアミノ酸配列（配列番号：20）の734～791番目までのアミノ酸配列、およびTACT427-B2のアミノ酸配列（配列番号：22）の730～787番目までのアミノ酸配列は、ともにアミノ酸ドメインモチーフ検索サイトSMART（<http://smart.embl-heidelberg.de/>）での検索で、クロロパーオキシダーゼモチーフを有することからクロロパーオキシダーゼ活性を持つと考えられる。

TACT427-Aの疎水性プロット図を〔図1〕に、TACT427-A2の疎水性プロット図を〔図2〕に、TACT427-Bの疎水性プロット図を〔図3〕に、TACT427-B2の疎水性プロット図を〔図4〕にそれぞれ示す。

【0079】

実施例5

ヒト肺がん細胞株NCI-H522由来蛋白質TACT427-CおよびTACT427-C2をコードするcDNAのクローニングと塩基配列の決定

ヒト非小細胞肺がん細胞株NCI-H522（ATCCより購入）をRPMI-1640培地（Invitrogen社）に牛胎仔血清を10%加えた培地で培養し、RNeasy Mini Total RNA Kit（QIAGEN社）を用いてトータルRNAを抽出した。トータルRNAを鋳型として、TaqMan Reverse Transcription Reagents（Applied Biosystems社）を用いて添付プロトコルに従い逆転写反応しcDNAを得た。ここで得られたcDNAを鋳型とし、2種のプライマー〔プライマー5（配列番号：34）およびプライマー6（配列番号：35）〕を用いてPCR反応を行った。該反応における反応液の組成は上記cDNAを鋳型として使用し、PfuTurbo Hotstart DNA Polymerase（STRATAGENE社）2.5 U、プライマー5（配列番号：34）およびプライマー6（配列番号：35）を各1.0 μ M、dNTPsを200 μ M、およびGC Buffer I（TaKaRa社）を10 μ l加え、20 μ lの液量とした。PCR反応は、95℃・1分の後、95℃・30秒、60℃・20秒、72℃・3分のサイクルを35回繰り返した。該PCR反応産物をアガロースゲルにて電気泳動後、MinElute Gel Extraction Kit（QIAGEN社）を用いて精製した。これをZero Blunt TOPO PCRクローニングキット（Invitrogen社）の処方に従いプラスミドベクターpCR-BluntII-TOPO（Invitrogen社）へサブクローニングした。これを大腸菌TOP10に導入し、cDNAを持つクローンをカナマイシンを含むLB寒天培地中で選択した。個々のクローンの

配列を解析した結果、配列番号: 26 で表される cDNA の塩基配列を得た。

配列番号: 3 で表される FLJ20539 全長遺伝子塩基配列の 1~160 番目および 2483~2755 番目の塩基配列を、配列番号: 26 で表される塩基配列の 5' 端および 3' 端にそれぞれ付加した塩基配列を、配列番号 29: に示す。配列番号: 26 で表される塩基配列を有する DNA 断片を有するプラスミドを TACT427-C/pCR-BluntII-TOPO と名付けた。

配列番号: 26 で表される DNA の塩基配列がコードするアミノ酸配列 (配列番号: 25) を含有するタンパク質を TACT427-C と命名した。

プラスミド TACT427-C/pCR-BluntII-TOPO が導入された形質転換体を、*Escherichia coli* TOP10/47427C/pCR-BluntII-TOPO と命名した。

TACT427-C のアミノ酸配列 (配列番号: 25) では、TACT427-A のアミノ酸配列 (配列番号: 15) の 491 番目の Val が Met に、825 番目の Glu が Lys に、826 番目の Ala が Pro に、970 番目の Val が Ala にそれぞれ置換され、340 番目の Ser が欠失している。

TACT427-C をコードする DNA の塩基配列 (配列番号: 26) では、TACT427-A をコードする DNA の塩基配列 (配列番号: 16) の 504 番目の a が c に、939 番目の a が g に、1471 番目の g が a に、1482 番目の g が c に、1590 番目の a が g に、2473 番目の g が a に、2476 番目の g が c に、2909 番目の t が c にそれぞれ置換され、1015~1017 番目の agc が欠失している。

TACT427-C のアミノ酸配列の 1~4 番目のアミノ酸配列が欠失している配列を配列番号: 27 に示す。配列番号: 27 で示されるアミノ酸配列を有するタンパク質を TACT427-C2 と命名する。TACT427-C2 をコードする DNA の塩基配列を配列番号: 28 に示す。

TACT427-C をコードする DNA の塩基配列 (配列番号: 26) は、ヒトでは FLJ20539 をコードする DNA の塩基配列 (配列番号: 2) に最も高い相同性を示した。配列番号: 26 で表される塩基配列の 1~138 番目および 886~3069 番目の DNA 塩基配列に対しては、配列番号: 2 で表される塩基配列の 1~138 番目および 139 番目~2322 番目の塩基配列が対応し、各部分配列において、99.3% および 99.5% の相同性をそれぞれ示す。FLJ20539 コードする DNA の塩基配列 (配

列番号: 2) は、TACT427-C (配列番号: 26) で表される139~885番目に相当するDNA塩基配列を欠いていることより、この配列は、TACT427-Cに特異的な配列である。TACT427-C2についても、TACT427-Cと同様にFLJ20539に最も高い相同性を示し、かつ同様な塩基配列の欠失を有する。

TACT427-Cのアミノ酸配列 (配列番号: 25) の734~791番目までの配列およびTACT427-C2のアミノ酸配列 (配列番号: 27) の730~787番目までの配列は、ともにアミノ酸ドメインモチーフ検索サイトSMART (<http://smart.embl-heidelberg.de/>) での検索でクロロパーオキシダーゼモチーフを有することからクロロパーオキシダーゼ活性を持つと考えられる。

TACT427-Cの疎水性プロット図を〔図5〕に、TACT427-Cの疎水性プロット図を〔図6〕に示す。

【0080】

【発明の効果】

本発明で用いられるタンパク質は、癌細胞に特異的に発現し、癌の診断マーカーであり、したがって、該タンパク質の活性を阻害する化合物またはその塩、該タンパク質遺伝子の発現を阻害する化合物またはその塩は、例えば、大腸癌、乳癌、肺癌、前立腺癌、食道癌、胃癌、肝臓癌、胆道癌、脾臓癌、腎癌、膀胱癌、子宮癌、精巣癌、甲状腺癌、膵臓癌、脳腫瘍または血液腫瘍などの癌の予防・治療剤として安全に使用することができる。さらに、該タンパク質の活性を阻害する化合物またはその塩、該タンパク質遺伝子の発現を阻害する化合物またはその塩は、例えば、アポトーシス促進剤として安全に使用することもできる。

また、本発明のアンチセンスポリヌクレオチドや抗体は、本発明で用いられるタンパク質の発現を阻害することができ、例えば大腸癌、乳癌、肺癌、前立腺癌、食道癌、胃癌、肝臓癌、胆道癌、脾臓癌、腎癌、膀胱癌、子宮癌、精巣癌、甲状腺癌、膵臓癌、脳腫瘍または血液腫瘍などの癌の予防・治療剤として、あるいはアポトーシス促進剤として安全に使用することができる。

【0081】

【配列表】

SEQUENCE LISTING

<110> Takeda Chemical Industries, Ltd.

<120> Novel protein and preventing and treating agent for cancer

<130> B02400

<150> JP2002-240830

<151> 2002-8-21

<160> 35

<210> 1

<211> 774

<212> PRT

<213> Human

<400> 1

Met Cys Ala Arg Met Ala Gly Arg Thr Arg Ala Ala Pro Arg Gly Pro
5 10 15

Tyr Gly Pro Trp Leu Cys Leu Leu Val Ala Leu Ala Leu Asp Val Val
20 25 30

Arg Val Asp Cys Gly Gln Ala Pro Leu Asp Pro Val Tyr Leu His Val
35 40 45

Thr Ala Ala Arg Pro Ala Gln Pro Thr Leu Trp Thr Ala Lys Leu Asp
50 55 60

Arg Phe Lys Gly Ser Arg His His Thr Thr Leu Ile Thr Cys His Arg
65 70 75 80

Ala Gly Leu Thr Glu Pro Asp Ser Ser Ser Pro Leu Glu Leu Ser Glu
85 90 95

Phe Leu Trp Val Asp Phe Val Val Glu Asn Ser Thr Gly Gly Gly Val
100 105 110

Ala Val Thr Arg Pro Val Thr Trp Gln Leu Glu Tyr Pro Gly Gln Ala
115 120 125

Pro Glu Ala Glu Lys Asp Lys Met Val Trp Glu Ile Leu Val Ser Glu
130 135 140

Arg Asp Ile Arg Ala Leu Ile Pro Leu Ala Lys Ala Glu Glu Leu Val
145 150 155 160
Asn Thr Ala Pro Leu Thr Gly Val Pro Gln His Val Pro Val Arg Leu
165 170 175
Val Thr Val Asp Gly Gly Gly Ala Leu Val Glu Val Thr Glu His Val
180 185 190
Gly Cys Glu Ser Ala Asn Thr Gln Val Leu Gln Val Ser Glu Ala Cys
195 200 205
Asp Ala Val Phe Val Ala Gly Lys Glu Ser Arg Gly Ala Arg Gly Val
210 215 220
Arg Val Asp Phe Trp Trp Arg Arg Leu Arg Ala Ser Leu Arg Leu Thr
225 230 235 240
Val Trp Ala Pro Leu Leu Pro Leu Arg Ile Glu Leu Thr Asp Thr Thr
245 250 255
Leu Glu Gln Val Arg Gly Trp Arg Val Pro Gly Pro Ala Glu Gly Pro
260 265 270
Ala Glu Pro Ala Ala Glu Ala Ser Asp Glu Ala Glu Arg Arg Ala Arg
275 280 285
Gly Cys His Leu Gln Tyr Gln Arg Ala Gly Val Arg Phe Leu Ala Pro
290 295 300
Phe Ala Ala His Pro Leu Asp Gly Gly Arg Arg Leu Thr His Leu Leu
305 310 315 320
Gly Pro Asp Trp Leu Leu Asp Val Ser His Leu Val Ala Pro His Ala
325 330 335
Arg Val Leu Asp Ser Arg Val Ala Ser Leu Glu Gly Gly Arg Val Val
340 345 350
Val Gly Arg Glu Pro Gly Val Thr Ser Ile Glu Val Arg Ser Pro Leu
355 360 365
Ser Asp Ser Ile Leu Gly Glu Gln Ala Leu Ala Val Thr Asp Asp Lys

370	375	380
Val Ser Val Leu Glu Leu Arg Val Gln Pro Val Met Gly Ile Ser Leu		
385	390	395 400
Thr Leu Ser Arg Gly Thr Ala His Pro Gly Glu Val Thr Ala Thr Cys		
405	410	415
Trp Ala Gln Ser Ala Leu Pro Ala Pro Lys Gln Glu Val Ala Leu Ser		
420	425	430
Leu Trp Leu Ser Phe Ser Asp His Thr Val Ala Pro Ala Glu Leu Tyr		
435	440	445
Asp Arg Arg Asp Leu Gly Leu Ser Val Ser Ala Glu Glu Pro Gly Ala		
450	455	460
Ile Leu Pro Ala Glu Glu Gln Gly Ala Gln Leu Gly Val Val Val Ser		
465	470	475 480
Gly Ala Gly Ala Glu Gly Leu Pro Leu His Val Ala Leu His Pro Pro		
485	490	495
Glu Pro Cys Arg Arg Gly Arg His Arg Val Pro Leu Ala Ser Gly Thr		
500	505	510
Ala Trp Leu Gly Leu Pro Pro Ala Ser Thr Pro Ala Pro Ala Leu Pro		
515	520	525
Ser Ser Pro Ala Trp Ser Pro Pro Ala Thr Glu Ala Thr Met Gly Gly		
530	535	540
Lys Arg Gln Val Ala Gly Ser Val Gly Gly Asn Thr Gly Val Arg Gly		
545	550	555 560
Lys Phe Glu Arg Ala Glu Glu Glu Ala Arg Lys Glu Glu Thr Glu Ala		
565	570	575
Arg Glu Glu Glu Glu Glu Glu Glu Glu Met Val Pro Ala Pro Gln		
580	585	590
His Val Thr Glu Leu Glu Leu Gly Met Tyr Ala Leu Leu Gly Val Phe		
595	600	605

Cys Val Ala Ile Phe Ile Phe Leu Val Asn Gly Val Val Phe Val Leu
 610 615 620
 Arg Tyr Gln Arg Lys Glu Pro Pro Asp Ser Ala Thr Asp Pro Thr Ser
 625 630 635 640
 Pro Gln Pro His Asn Trp Val Trp Leu Gly Thr Asp Gln Glu Glu Leu
 645 650 655
 Ser Arg Gln Leu Asp Arg Gln Ser Pro Gly Pro Pro Lys Gly Glu Gly
 660 665 670
 Ser Cys Pro Cys Glu Ser Gly Gly Gly Gly Glu Ala Pro Thr Leu Ala
 675 680 685
 Pro Gly Pro Pro Gly Gly Thr Thr Ser Ser Ser Ser Thr Leu Ala Arg
 690 695 700
 Lys Glu Ala Gly Gly Arg Arg Lys Arg Val Glu Phe Val Thr Phe Val
 705 710 715 720
 Pro Ala Pro Pro Ala Gln Ser Pro Glu Glu Pro Val Gly Ala Pro Ala
 725 730 735
 Val Gln Ser Ile Leu Val Ala Gly Glu Glu Asp Ile Arg Trp Val Cys
 740 745 750
 Glu Asp Met Gly Leu Lys Asp Pro Glu Glu Leu Arg Asn Tyr Met Glu
 755 760 765
 Arg Ile Arg Gly Ser Ser
 770

<210> 2

<211> 2322

<212> DNA

<213> Human

<400> 2

atgtgcgcgc ggatggccgg tcgcacaaga gcggcccctc gggggcccta cggcccctgg 60

ctctgcctcc tgggtggccct cgccctggac gtcgtgagag tggactgtgg ccaggctccc 120
ctggaccctg tctacctgca tgtgacagcc gcccgcccag cccagcccac actctggact 180
gccaaagctag accgcttcaa gggctccagg caccacacca cctcatcac ctgccaccgt 240
gctgggctca cagagccaga ttccagcagt ccccttgaac tgtctgagtt cctatgggtg 300
gactttgtgg tggagaatag cactgggtggg ggcgtagcgg tctactgccc cgtcacgtgg 360
cagctggagt acccaggcca ggcccctgaa gcagagaagg acaaaatggg gtgggaaatc 420
ctgggtgtctg agcgggacat cagagccctt atcccactgg ccaaggctga ggagctgggtg 480
aatacagcac cactgactgg agtgccccag catgtcccg tgcgccttgt cactgtggac 540
ggcggggggg ccttggtgga ggtgacagag catgtcggct gcgagtctgc caacacacag 600
gtcctgcagg tgtctgaggc ctgtgatgcc gtgttcgtgg ctggcaagga gagccggggc 660
gcccgggggg tgcgagtgga cttctggtgg cgccggctcc gcgcctcgct gcggctgacc 720
gtgtgggccc cgctgctacc gctgcgtatc gagtcaccg acaccacct cgagcaggtc 780
cgcggtgga ggggtacctg ccctgctgaa gggcctgcgg aaccgctgc agaggcgtca 840
gatgaggccg agcggcgcg cctgtggctgc cacctgcagt accagcgggc cgggtgtgcgc 900
ttcctgccc ctttcgcggc ccaccgctg gacggcggcc gccgcctcac gcacctgctt 960
ggccccgact ggctgctaga cgtgtccac ctcgtggcg caccgcccg cgtgctggac 1020
tcgctgtag cctctctgga ggggtggccgt gtcgtgggtg gccgggagcc cgggtgtcacc 1080
tccattgagg tgcgttcccc actgtctgac tccatcctgg gggagcaggc gctggctgtg 1140
acggacgaca aggtctcagt gctggagctg aggggtgcagc cagtgatggg catctcgctg 1200
accttgagcc ggggcactgc ccacccggg gaggtcacag ctacgtgctg ggcacagtca 1260
gcccttccc ccccaaagca ggaggtggcc ctctccctat ggctgtcctt ctctgatcac 1320
actgtggccc cagctgagct ctacgaccgc cgtgacctgg gactgtccgt ctcagccgag 1380
gagcctggtg ccatcctgcc agctgaggag cagggtgccc agctcggggg ggtggtgagt 1440
ggggcaggcg ccgaggggct gccgctgcat gtggctctgc accgcccga gccctgccgc 1500
cggggcccgc accgtgtgcc tctggcctct ggcaccgcct ggctggggct gcccctgcc 1560
tccactccag cccctgctct ccatccagc cctgcttga gccaccagc cacagaagcc 1620
accatgggtg gtaaaccgca ggtggcaggc agtgtcgggg gcaacacagg tgtgaggggc 1680
aagtttgagc gggcagagga ggaggccagg aaggaggaga ccgaagccag ggaggaggag 1740
gaggaagagg aggaggagat ggtccctgcc cctcagcatg tctactgagct agagctgggc 1800

atgtacgccc tgctgggagt cttctgcgtg gccatcttca tcttcttggt caatggtgtg 1860
gtcttcgtcc tgcgctatca gcgcaaagaa cctcccgaca gtgccactga cccacactcc 1920
ccccagcccc acaactgggt ctggctgggc actgaccagg aggaactgag ccgccagctg 1980
gaccggcagt cccctggccc gccaaggagg gaggggagct gcccctgtga gagtggggga 2040
ggaggggagg cccctaccct ggcccctggc cctcctgggg gcaccaccag ctcctcaage 2100
accctggccc gaaaggaggc tggggggcgg cggaagcgag tagagtttgt gacatttgtg 2160
ccagcccctc cagcccagtc acctgaggag cctgtagggg cccctgctgt gcagtccatc 2220
cttgtggcag gcgaggagga catccgctgg gtgtgtgagg acatggggct gaaggaccct 2280
gaggagcttc gcaactacat ggagaggatc cggggcagct cc 2322

<210> 3

<211> 2755

<212> DNA

<213> Human

<400> 3

attgtctggg aattgcagcc gcggggcggg cggcggcggc ggcgggcgcg gccgggaccc 60
agcgggccag gtggggacgg cgcgagcggt gtgcgggaga tgccgtgcgg gactggggcc 120
acctgagccg cccgcctcgt cccgccttc tgtgggaagg atgtgcgcgc ggatggccgg 180
tcgcacaaga gcggcccctc gggggcccta cggcccctgg ctctgcctcc tgggtggccct 240
cgccctggac gtcgtgagag tggactgtgg ccaggctccc ctggaccctg tctacctgca 300
tgtgacagcc gcccgccag cccagcccac actctggact gccaagctag accgcttcaa 360
gggtccagg caccacacca ccctcatcac ctgccaccgt gctgggctca cagagccaga 420
ttccagcagt ccccttgaac tgtctgagtt cctatgggtg gactttgtgg tggagaatag 480
cactggtggg ggcgtagcgg tctctgccc cgtcacgtgg cagctggagt acccaggcca 540
ggcccctgaa gcagagaagg acaaaatggt gtgggaaatc ctggtgtctg agcgggacat 600
cagagccctt atcccactgg ccaaggctga ggagctggtg aatacagcac cactgactgg 660
agtgccccag catgtccccg tgcgccttgt cactgtggac ggcggggggg ccttggtgga 720
ggtgacagag catgtcggct gcgagtctgc caacacacag gtcctgcagg tgtctgaggc 780
ctgtgatgcc gtgttcgtgg ctggcaagga gagccggggc gcccgggggg tgcgagtgga 840

cttctggtgg cgccggctcc ggcctcgct gcggtgacc gtgtgggccc cgctgctacc 900
gctgcgtatc gagctcaccg acaccaccct cgagcaggtc cgcggctgga gggtacctgg 960
ccctgctgaa gggcctgcgg aaccgctgc agaggcgtca gatgaggccg agcggcgcg 1020
ccgtggctgc cacctgcagt accagcgggc cgggtgtgcgc ttctcgccc ccttcgcggc 1080
ccacccgctg gacggcggcc gccgcctcac gcacctgctt ggccccgact ggctgctaga 1140
cgtgtccac ctctgtggcg cacacgccc cgtgctggac tcgctgtiag cctctctgga 1200
gggtggccgt gtcgtggtgg gccgggagcc cgggtgcacc tccattgagg tgcgttcccc 1260
actgtctgac tccatcctgg gggagcaggc gctggctgtg acggacgaca aggtctcagt 1320
gctggagctg aggggtgcagc cagtgatggg catctcgctg accttgagcc ggggcactgc 1380
ccaccccggg gaggtcacag ctacgtgctg ggcacagtca gcccttccc ccccaaagca 1440
ggaggtggcc ctctccctat ggctgtcctt ctctgatcac actgtggccc cagctgagct 1500
ctacgaccgc cgtgacctgg gactgtccgt ctacgccgag gagcctggtg ccatcctgcc 1560
agctgaggag cagggtgccc agctcggggt ggtggtgagt ggggcaggcg ccgaggggct 1620
gccgtgcat gtggctctgc acccgcccga gccctgccgc cggggccgcc accgtgtgcc 1680
tctggcctct ggcaccgcct ggctggggct gcccctgcc tccactccag cccctgctct 1740
cccatccagc cctgcttgga gccaccagc cacagaagcc accatgggtg gtaaaccggca 1800
ggtggcaggc agtgtcgggg gcaacacagg tgtgaggggc aagtttgagc gggcagagga 1860
ggaggccagg aaggaggaga ccgaagccag ggaggaggag gaggaagagg aggaggagat 1920
ggtccctgcc cctcagcatg tctactgagct agagctgggc atgtacgcc tgctgggagt 1980
cttctgcgtg gccatcttca tcttcttgggt caatggtgtg gtcttcgtcc tgcgtatca 2040
gcgcaaagaa cctcccgaca gtgccactga cccacctcc cccagcccc acaactgggt 2100
ctggctgggc actgaccagg aggaactgag ccgccagctg gaccggcagt cccctggccc 2160
gccaagggg gaggggagct gcccctgtga gagtggggga ggaggggagg cccctaccct 2220
ggcccctggc cctcctgggg gcaccaccag ctctcaagc accctggccc gaaaggaggc 2280
tggggggcgg cggaagcgag tagagtttgt gacatttgt ccagcccctc cagcccagtc 2340
acctgaggag cctgtagggg cccctgctgt gcagtccatc cttgtggcag gcgaggagga 2400
catccgctgg gtgtgtgagg acatggggct gaaggaccct gaggagcttc gcaactacat 2460
ggagaggatc cggggcagct cctgaccctc cacagccacc tggtcagcca ccagctgggg 2520
caacgagggt ggaggtccca ctgagcctct cgcctgcccc cgccactcgt ctggtgcttg 2580

ttgatccaag tccccctgcct ggtccccccac aaggactccc atccaggccc cctctgcct 2640
 gccccttgtc atggaccatg gtcgtgagga agggctcatg ccccttattt atgggaacca 2700
 tctcattcta acagaataaa ccgagaagga aaccagaaaa aaaaaaaaaa aaaaa 2755

<210> 4

<211> 909

<212> PRT

<213> Human

<400> 4

Met Cys Ala Arg Met Ala Gly Arg Thr Thr Ala Ala Pro Arg Gly Pro
 5 10 15
 Tyr Gly Pro Trp Leu Cys Leu Leu Val Ala Leu Ala Leu Asp Val Val
 20 25 30
 Arg Val Asp Cys Gly Gln Ala Pro Leu Asp Pro Val Tyr Leu Pro Ala
 35 40 45
 Ala Leu Glu Leu Leu Asp Ala Pro Glu His Phe Arg Val Gln Gln Val
 50 55 60
 Gly His Tyr Pro Pro Ala Asn Ser Ser Leu Ser Ser Arg Ser Glu Thr
 65 70 75 80
 Phe Leu Leu Leu Gln Pro Trp Pro Arg Ala Gln Pro Leu Leu Arg Ala
 85 90 95
 Ser Tyr Pro Pro Phe Ala Thr Gln Gln Val Val Pro Pro Arg Val Thr
 100 105 110
 Glu Pro His Gln Arg Pro Val Pro Trp Asp Val Arg Ala Val Ser Val
 115 120 125
 Glu Ala Ala Val Thr Pro Ala Glu Pro Tyr Ala Arg Val Leu Phe His
 130 135 140
 Leu Lys Gly Gln Asp Trp Pro Pro Gly Ser Gly Ser Leu Pro Cys Ala
 145 150 155 160

Arg Leu His Ala Thr His Pro Ala Gly Thr Ala His Gln Ala Cys Arg
165 170 175
Phe Gln Pro Ser Leu Gly Ala Cys Val Val Glu Leu Glu Leu Pro Ser
180 185 190
His Trp Phe Ser Gln Ala Ser Thr Thr Arg Ala Glu Leu Ala Tyr Thr
195 200 205
Leu Glu Pro Ala Ala Glu Gly Pro Gly Gly Cys Gly Ser Gly Glu Glu
210 215 220
Asn Asp Pro Gly Glu Gln Ala Leu Pro Val Gly Gly Val Glu Leu Arg
225 230 235 240
Pro Ala Asp Pro Pro Gln Tyr Gln Glu Val Pro Leu Asp Glu Ala Val
245 250 255
Thr Leu Arg Val Pro Asp Met Pro Val Arg Pro Gly Gln Leu Phe Ser
260 265 270
Ala Thr Leu Leu Leu Arg His Asn Phe Thr Ala Ser Leu Leu Thr Leu
275 280 285
Arg Ile Lys Val Lys Lys Gly Leu His Val Thr Ala Ala Arg Pro Ala
290 295 300
Gln Pro Thr Leu Trp Thr Ala Lys Leu Asp Arg Phe Lys Gly Ser Arg
305 310 315 320
His His Thr Thr Leu Ile Thr Cys His Arg Ala Gly Leu Thr Glu Pro
325 330 335
Asp Ser Ser Pro Leu Glu Leu Ser Glu Phe Leu Trp Val Asp Phe Val
340 345 350
Val Glu Asn Ser Thr Gly Gly Gly Val Ala Val Thr Arg Pro Val Thr
355 360 365
Trp Gln Leu Glu Tyr Pro Gly Gln Ala Pro Glu Ala Glu Lys Asp Lys
370 375 380
Met Val Trp Glu Ile Leu Val Ser Glu Arg Asp Ile Arg Ala Leu Ile

385 390 395 400
 Pro Leu Ala Lys Ala Glu Glu Leu Val Asn Thr Ala Pro Leu Thr Gly
 405 410 415
 Val Pro Gln His Val Pro Val Arg Leu Val Thr Val Asp Gly Gly Gly
 420 425 430
 Ala Leu Val Glu Val Thr Glu His Val Gly Cys Glu Ser Ala Asn Thr
 435 440 445
 Gln Val Leu Gln Val Ser Glu Ala Cys Asp Ala Val Phe Val Ala Gly
 450 455 460
 Lys Glu Ser Arg Gly Ala Arg Gly Val Arg Val Asp Phe Trp Trp Arg
 465 470 475 480
 Arg Leu Arg Ala Ser Leu Arg Leu Thr Val Trp Ala Pro Leu Leu Pro
 485 490 495
 Leu Arg Ile Glu Leu Thr Asp Thr Thr Leu Glu Gln Val Arg Gly Trp
 500 505 510
 Arg Val Pro Gly Pro Ala Glu Gly Pro Ala Glu Pro Ala Ala Glu Ala
 515 520 525
 Ser Asp Glu Ala Glu Arg Arg Ala Arg Gly Cys His Leu Gln Tyr Gln
 530 535 540
 Arg Ala Gly Val Arg Phe Leu Ala Pro Phe Ala Ala His Pro Leu Asp
 545 550 555 560
 Gly Gly Arg Arg Leu Thr His Leu Leu Gly Pro Asp Trp Leu Leu Asp
 565 570 575
 Val Ser His Leu Val Ala Pro His Ala Arg Val Leu Asp Ser Arg Val
 580 585 590
 Ala Ser Leu Glu Gly Gly Arg Val Val Val Gly Arg Glu Pro Gly Val
 595 600 605
 Thr Ser Ile Glu Val Arg Ser Pro Leu Ser Asp Ser Ile Leu Gly Glu
 610 615 620

Gln Ala Leu Ala Val Thr Asp Asp Lys Val Ser Val Leu Glu Leu Arg
 625 630 635 640
 Val Gln Pro Val Met Gly Ile Ser Leu Thr Leu Ser Arg Gly Thr Ala
 645 650 655
 His Pro Gly Glu Val Thr Ala Thr Cys Trp Ala Gln Ser Ala Leu Pro
 660 665 670
 Ala Pro Lys Gln Glu Val Ala Leu Ser Leu Trp Leu Ser Phe Ser Asp
 675 680 685
 His Thr Val Ala Pro Ala Glu Leu Tyr Asp Arg Arg Asp Leu Gly Leu
 690 695 700
 Ser Val Ser Ala Glu Glu Pro Gly Ala Ile Leu Pro Ala Glu Glu Gln
 705 710 715 720
 Gly Ala Gln Leu Gly Val Val His Val Thr Glu Leu Glu Leu Gly Met
 725 730 735
 Tyr Ala Leu Leu Gly Val Phe Cys Val Ala Ile Phe Ile Phe Leu Val
 740 745 750
 Asn Gly Val Val Phe Val Leu Arg Tyr Gln Arg Lys Glu Pro Pro Asp
 755 760 765
 Ser Ala Thr Asp Pro Thr Ser Pro Gln Pro His Asn Trp Val Trp Leu
 770 775 780
 Gly Thr Asp Gln Glu Glu Leu Ser Arg Gln Leu Asp Arg Gln Ser Pro
 785 790 795 800
 Gly Pro Pro Lys Gly Glu Gly Ser Cys Pro Cys Glu Ser Gly Gly Gly
 805 810 815
 Gly Glu Ala Pro Thr Leu Ala Pro Gly Pro Pro Gly Gly Thr Thr Ser
 820 825 830
 Ser Ser Ser Thr Leu Ala Arg Lys Glu Ala Gly Gly Arg Arg Lys Arg
 835 840 845
 Val Glu Phe Val Thr Phe Ala Pro Ala Pro Pro Ala Gln Ser Pro Glu

850 855 860
 Glu Pro Val Gly Ala Pro Ala Val Gln Ser Ile Leu Val Ala Gly Glu
 865 870 875 880
 Glu Asp Ile Arg Trp Val Cys Glu Asp Met Gly Leu Lys Asp Pro Glu
 885 890 895
 Glu Leu Arg Asn Tyr Met Glu Arg Ile Arg Gly Ser Ser
 900 905

<210> 5

<211> 2727

<212> DNA

<213> Human

<400> 5

atgtgcgcgc ggatggccgg tcgcacaaca gcggcccctc gggggcccta cggcccctgg 60
 ctctgcctcc tgggtggcct cgccctggac gtcgtgagag tggactgtgg ccaggctccc 120
 ctggaccctg tctacctgcc ggcagccctg gagctcctag acgcccctga acatttccgt 180
 gtgcagcagg tggggcacta cccacctgcc aactcctctc tgagctcccg atctgagacc 240
 tttctgctcc tacagccctg gcccagggcc cagccacttc tccgggcctc ctaccacact 300
 tttgccactc agcagggtgg cccccctega gtcactgagc cccaccaacg gccagtccca 360
 tgggacgtgc gggccgtttc agtgaagcg gctgtgactc cagcagagcc ctacgcccgg 420
 gtctcttcc acctcaaagg gcaggattgg ccaccagggt ctggcagcct gccctgtgcc 480
 cggctccatg ccacacaccc tgccggcact gctaccaag cctgccgctt ccagccatcc 540
 ctgggcgcct gcgtggtgga gctggagctt ccctgcact ggttctcaca ggcctccacc 600
 acacgggccc agctggccta cacgcttgag cctgcagctg agggccctgg gggctgtggc 660
 tccggcgagg agaacgaccc tggggagcag gccctcccag tggggggtgt ggagctgcgc 720
 ccagcagacc cccgcagta ccaggaggta cctctggacg aggctgtgac tctgcggtg 780
 cctgacatgc cagtgcggcc cggccagctc tttagtgtta ccctcctgct tcggcacaac 840
 ttcacagcca gcctcctgac cctgcggatc aaggtgaaga aggggctgca tgtacagcc 900
 gcccgccag cccagccac actctggact gccaagctgg accgcttcaa gggctccagg 960

caccacacca ccctcatcac ctgccaccgt gctgggctca cagagccaga ttccagtccc 1020
cttgaactgt ctgagttcct atgggtggac tttgtggtgg agaatagcac tgggtgggggc 1080
gtagcgggtca ctgccccgt cacgtggcag ctggagtacc caggccaggc ccctgaagca 1140
gagaaggaca aaatggtgtg ggaaatcctg gtgtctgagc gggacatcag agcccttata 1200
ccactggcca aggctgagga gctggtgaat acagcaccac tgactggagt gccccagcat 1260
gtccccgtgc gccttgtcac tgtggacggc gggggggcct tgggtggaggt gacagagcat 1320
gtcggctgcg agtctgccaa cacacaggtc ctgcaggtgt ctgaggcctg tgatgccgtg 1380
ttcgtggctg gcaaggagag ccggggcgcc cggggggtgc gagtggactt ctggtggcgc 1440
cggctccgcg cctcgtgcg gctgaccgtg tgggcccccc tgctaccgct gcgtatcgag 1500
ctcaccgaca ccaccctcga gcaggtccgc ggctggaggg tacctggccc tgctgaaggg 1560
cctgcggaac ccgctgcaga ggcgtcggat gaggccgagc ggcgcgcccc tggctgccac 1620
ctgcagtacc agcgggcccgg tgtgcgcttc ctgccccct tcgcggccca cccgctggac 1680
ggcggccgcc gcctcacgca cctgcttggc cccgactggc tgctagacgt gtcccacctc 1740
gtgggccac acgcccgcgt gctggactcg cgtgtagcct ctctggaggg tggccgtgtc 1800
gtggtgggccc gggagcccgg tgtcacctcc attgaggtgc gttccccact gtctgactcc 1860
atcctggggg agcaggcgct ggctgtgacg gacgacaagg tctcagtgtt ggagctgagg 1920
gtgcagccag tgatgggcat ctgctgacc ttgagccggg gcactgcca ccccggggag 1980
gtcacagcta cgtgctgggc acagtcagcc cttcccgccc caaagcagga ggtggccctc 2040
tccctatggc tgtccttctc tgatcacact gtggccccag ctgagctcta cgaccgccgt 2100
gacctgggac tgtccgtctc agccgaggag cctggtgcca tcctgccagc tgaggagcag 2160
ggtgcccagc tcggggtggt gcatgtcact gagctagagc tgggcatgta cgccctgctg 2220
ggagtcttct gcgtggccat cttcatcttc ttggtcaatg gtgtggtctt cgtcctgcgc 2280
tatcagcgca aagaacctcc cgacagtgcc actgaccca cttccccca gccccacaac 2340
tgggtctggc tgggcactga ccaggaggaa ctgagccgcc agctggaccg gcagtcccct 2400
ggcccgcca agggggaggg gagctgcccc tgtgagagtg ggggaggagg ggaggcccct 2460
accctggccc ctggccctcc tgggggcacc accagctcct caagcacct ggcccgaag 2520
gaggctgggg ggccggcgaa gcgagtagag tttgtgacat ttgcgccagc ccctccagcc 2580
cagtcacctg aggagcctgt agggggccct gctgtgcagt ccatccttgt ggcaggcgag 2640
gaggacatcc gctgggtgtg tgaggacatg gggctgaagg accctgagga gcttcgaac 2700

tacatggaga ggatccgggg cagctcc

2727

<210> 6

<211> 2778

<212> DNA

<213> Human

<400> 6

ctggggccac ctgagccgcc cgcctcgtcc cgccttctg tgggaaggat gtgcgcgcgg 60
atggccggtc gcacaacagc ggcccctcgg gggccctacg gcccctggct ctgcctcctg 120
gtggccctcg ccctggacgt cgtgagagtg gactgtggcc aggctcccct ggaccctgtc 180
tacctgccgg cagccctgga gtccttagac gcccctgaac acttccgtgt gcagcagggtg 240
ggccactacc cacctgccaa ctctctctg agctcccgat ctgagacctt tctgtccta 300
cagccctggc ccagggccca gccacttctc cgggcctcct acccaccttt tgccactcag 360
caggtgggtcc cccctcgagt cactgagccc caccaacggc cagtcccatg ggacgtgcgg 420
gccgtttcag tggaaagcggc tgtgactcca gcagagccct acgcccgggt tctcttccac 480
ctcaaagggc aggattggcc accaggggtct ggcagcctgc cctgtgcccg gctccatgcc 540
acacaccctg ccggcactgc tcaccaagcc tgccgcttcc agccatccct gggcgcctgc 600
gtggtggagc tggagcttcc ctgcactgg ttctcacagg cctccaccac acgggccgag 660
ctggcctaca cgcttgagcc tgcagctgag ggccctgggg gctgtggctc cggcgaggag 720
aacgaccctg gggagcaggc cctcccagtg gggggtgtgg agctgcgccc agcagacccc 780
ccgcagtacc aggaggtacc tctggacgag gctgtgactc tgcgggtgcc tgacatgcca 840
gtgcggcccg gccagctctt tagtgctacc ctctgcttc ggcacaactt cacagccage 900
ctctgaccc tgcggatcaa ggtgaagaag gggctgcatg tgacagccgc ccgcccagcc 960
cagccacac tctggactgc caagctggac cgcttcaagg gctccaggca ccacaccacc 1020
ctcatcacct gccaccgtgc tgggctcaca gagccagatt ccagtcccct tgaactgtct 1080
gagttcctat ggggtggactt tgtggtggag aatagcactg gtgggggcgt agcggtcact 1140
cgccccgtca cgtggcagct ggagtaccca ggccaggccc ctgaagcaga gaaggacaaa 1200
atggtgtggg aaatcctggt gtctgagcgg gacatcagag cccttatccc actggccaag 1260
gctgaggagc tggatgaatac agcaccactg actggagtgc cccagcatgt ccccgtgcgc 1320

cttgtcactg tggacggcgg gggggccttg gtggaggtga cagagcatgt cggctgcgag 1380
tctgccaaca cacaggtcct gcaggtgtct gaggcctgtg atgccgtgtt cgtggctggc 1440
aaggagagcc ggggcgcccc ggggggtgcga gtggacttct ggtggcgccg gctccgcgcc 1500
tcgctgcggc tgaccgtgtg ggccccctg ctaccgtgc gtatcgagct caccgacacc 1560
accctcgagc aggtccgcgg ctggagggtg cctggccctg ctgaagggcc tgcggaacct 1620
gctgcagagg cgtcggatga ggccgagcgg cgcgcccgtg gctgccacct gcagtaccag 1680
cgggcccgtg tgcgttctc cgccccctc gcggcccacc cgctggacgg cggccgccgc 1740
ctcacgcacc tgcttggccc cgactggctg ctagacgtgt cccacctcgt ggcgccacac 1800
gcccgcgtgc tggactcgcg tgtagcctct ctggagggtg gccgtgtcgt ggtgggcccg 1860
gagcccgtg tcacctcat tgaggtgcgt tccccactgt ctgactccat cctgggggag 1920
caggcgctgg ctgtgacgga cgacaaggc tcagtgtggt agctgagggt gcagccagt 1980
atgggcatct cgctgacct gagccggggc actgccacc ccggggaggt cacagctacg 2040
tgctgggcac agtcagccct tccgcccc aagcaggagg tggccctct cctatggctg 2100
tccttctctg atcacactgt ggccccagct gagctctacg accgccgtga cctgggactg 2160
tccgtctcag ccgaggagcc tgggtgccatc ctgccagctg aggagcaggg tgcccagctc 2220
ggggtggtgc atgtcactga gctagagctg ggcatgtacg ccctgctggg agtcttctgc 2280
gtggccatct tcatcttctt ggtcaatggt gtggtcttcg tcctgcgcta tcagcgcaaa 2340
gaacctcccg acagtgccac tgaccccacc tccccccagc cccacaactg ggtctggctg 2400
ggcactgacc aggaggaact gagccgccag ctggaccggc agtcccctgg cccgccaag 2460
ggggagggga gctgcccctg tgagagtggg ggaggagggg aggcccctac cctggcccct 2520
ggccctctg ggggcaccac cagctctca agcaccctgg cccgaaagga ggctgggggg 2580
cggcggaagc gagtagagtt tgtgacattt gcgccagccc ctccagccca gtcacctgag 2640
gagcctgtag gggcccctgc tgtgcagtcc atccttgtgg caggcgagga ggacatccgc 2700
tgggtgtgtg aggacatggg gctgaaggac cctgaggagc ttcgcaacta catggagagg 2760
atccggggca gctcctga 2778

<210> 7

<211> 594

<212> PRT

<213> Human

<400> 7

Met Cys Ala Arg Met Ala Gly Arg Thr Thr Ala Ala Pro Arg Gly Pro
 5 10 15
 Tyr Gly Pro Trp Leu Cys Leu Leu Val Ala Leu Ala Leu Asp Val Val
 20 25 30
 Arg Val Asp Cys Gly Gln Ala Pro Leu Asp Pro Gly Leu His Val Thr
 35 40 45
 Ala Ala Arg Pro Ala Gln Pro Thr Leu Trp Thr Ala Lys Leu Asp Arg
 50 55 60
 Phe Lys Gly Ser Arg His His Thr Thr Leu Ile Thr Cys His Arg Ala
 65 70 75 80
 Gly Leu Thr Glu Pro Asp Ser Ser Ser Pro Leu Glu Leu Ser Glu Phe
 85 90 95
 Leu Trp Val Asp Phe Val Val Glu Asn Ser Thr Gly Gly Gly Val Ala
 100 105 110
 Val Thr Arg Pro Val Thr Trp Gln Leu Glu Tyr Pro Gly Gln Ala Pro
 115 120 125
 Glu Ala Glu Lys Asp Lys Met Val Trp Glu Ile Leu Val Ser Glu Arg
 130 135 140
 Asp Ile Arg Ala Leu Ile Pro Leu Ala Lys Ala Glu Glu Leu Val Asn
 145 150 155 160
 Thr Ala Pro Leu Thr Gly Val Pro Gln His Val Pro Val Arg Leu Val
 165 170 175
 Thr Val Asp Gly Gly Gly Ala Leu Val Glu Val Thr Glu His Val Gly
 180 185 190
 Cys Glu Ser Ala Asn Thr Gln Val Leu Gln Val Ser Glu Ala Cys Asp
 195 200 205
 Ala Val Phe Val Ala Gly Lys Glu Ser Arg Gly Ala Arg Gly Val Arg

210 215 220
Val Asp Phe Trp Trp Arg Arg Leu Arg Ala Ser Leu Arg Leu Thr Val
225 230 235 240
Trp Ala Pro Leu Leu Pro Leu Arg Ile Glu Leu Thr Asp Thr Thr Leu
245 250 255
Glu Gln Val Arg Gly Trp Arg Val Pro Gly Pro Ala Glu Gly Pro Ala
260 265 270
Glu Pro Ala Ala Glu Ala Ser Asp Glu Ala Glu Arg Arg Ala Arg Gly
275 280 285
Cys His Leu Gln Tyr Gln Arg Ala Gly Val Arg Phe Leu Ala Pro Phe
290 295 300
Ala Ala His Pro Leu Asp Gly Gly Arg Arg Leu Thr His Leu Leu Gly
305 310 315 320
Pro Asp Trp Leu Leu Asp Val Ser His Leu Val Ala Pro His Ala Arg
325 330 335
Val Leu Asp Ser Arg Val Ala Ser Leu Glu Gly Gly Arg Val Val Val
340 345 350
Gly Arg Glu Pro Gly Val Thr Ser Ile Glu Val Arg Ser Pro Leu Ser
355 360 365
Asp Ser Ile Leu Gly Glu Gln Ala Leu Ala Val Thr Asp Asp Lys Val
370 375 380
Ser Val Leu Glu Leu Arg Val Gln Pro Val Met Gly Ile Ser Leu Thr
385 390 395 400
Leu Ser Arg Gly Thr Ala His Pro Gly Glu Val Thr Ala Thr Cys Trp
405 410 415
Ala Gln Ser Ala Leu Pro Ala Pro Lys Gln Glu Val Ala Leu Ser Leu
420 425 430
Trp Leu Ser Phe Ser Asp His Thr Val Ala Pro Ala Glu Leu Tyr Asp
435 440 445

Arg Arg Asp Leu Gly Leu Ser Val Ser Ala Glu Glu Pro Gly Ala Ile
 450 455 460

Leu Pro Ala Glu Glu Gln Gly Ala Gln Leu Gly Val Val Val Ser Gly
 465 470 475 480

Ala Gly Ala Glu Gly Leu Pro Leu His Val Ala Leu His Pro Pro Glu
 485 490 495

Pro Cys Arg Arg Gly Arg His Arg Val Pro Leu Ala Ser Gly Thr Ala
 500 505 510

Trp Leu Gly Leu Pro Pro Ala Ser Thr Pro Ala Pro Ala Leu Pro Ser
 515 520 525

Ser Pro Ala Trp Ser Pro Pro Ala Thr Glu Ala Thr Met Gly Gly Lys
 530 535 540

Arg Gln Val Ala Gly Ser Val Gly Gly Asn Thr Gly Val Arg Gly Lys
 545 550 555 560

Phe Glu Arg Ala Glu Glu Glu Ala Arg Lys Glu Glu Thr Glu Ala Arg
 565 570 575

Asp Gly Gly Gly Gly Arg Gly Gly Gly Asp Gly Pro Cys Pro Ser Ala
 580 585 590

Cys His

<210> 8

<211> 1782

<212> DNA

<213> Human

<400> 8

atgtgcgcgc ggatggccgg tcgcacaaca gcggcccctc gggggcccta cggcccctgg 60
 ctctgcctcc tgggtggccct cgccctggac gtcgtgagag tggactgtgg ccaggctccc 120
 ctggaccctg ggctgcatgt gacagccgcc cgcccagccc agcccacact ctggactgcc 180
 aagctggacc gcttcaaggg ctccaggcac cacaccacc tcatcacctg ccaccgtgct 240

gggctcacag agccagattc cagcagtccc ctggaactgt ctgagttcct atgggtggac 300
 tttgtggtgg agaatagcac tgggtgggggc gtagcgggtca ctgccccgt cacgtggcag 360
 ctggagtacc caggccaggc ccctgaagca gagaaggaca aaatggtgtg ggaaatcctg 420
 gtgtctgagc gggacatcag agcccttata cactggcca aggctgagga gctggtgaat 480
 acagcaccac tgactggagt gccccagcat gtccccgtgc gccttgtcac tgtggacggc 540
 gggggggcct tgggtggagggt gacagagcat gtcggctgcg agtctgcca cacacaggtc 600
 ctgcaggtgt ctgaggcctg tgatgccgtg ttcgtggctg gcaaggagag ccggggcgcc 660
 cgggggggtgc gactggactt ctgggtggcg cggtccgcg cctcgtgcg gctgaccgtg 720
 tgggcccccc tgctaccgct gcgtatcgag ctcaccgaca ccaccctcga gcaggccgc 780
 ggctggaggg tacctggccc tgctgaagg cctgcggaac ccgctgcaga ggcgtcgat 840
 gaggccgagc ggcgcgcccg tggctgccac ctgcagtacc agcgggcccgg tgtgcgcttc 900
 ctgccccct tcgcgccca cccgctggac ggcgcccgcc gcctcacgca cctgcttggc 960
 cccgactggc tgctagacgt gtccacctc gtggcgccac acgcccgcgt gctggactcg 1020
 cgtgtagcct ctctggaggg tggccgtgtc gtggtgggccc gggagcccgg tgtcacctcc 1080
 attgaggtgc gttccccact gtctgactcc atcctggggg agcaggcgct ggctgtgacg 1140
 gacgacaagg tctcagtgtt ggagctgagg gtgcagccag tgatgggcat ctgctgacc 1200
 ttgagccggg gactgcccc cccgggggag gtcacagcta cgtgctgggc acagtcagcc 1260
 cttcccgccc caaagcagga ggtggccctc tccctatggc tgtccttctc tgatcacact 1320
 gtggccccag ctgagctcta cgaccgccgt gacctgggac tgtccgtctc agccgaggag 1380
 cctggtgcca tcctgccagc tgaggagcag ggtgcccagc tcggggtggt ggtgagtggg 1440
 gcaggcgccg aggggctgcc gctgcatgtg gctctgcacc cgcccgagcc ctgccgccg 1500
 ggccgccacc gtgtgcctct ggcctctggc accgcctggc tggggctgcc ccctgcctcc 1560
 actccagccc ctgctctccc atccagccct gcttggagcc caccagccac agaagccacc 1620
 atgggtggta aacggcaggt ggcaggcagt gtcgggggca acacaggtgt gaggggcaag 1680
 tttgagcggg cagaggagga ggccaggaag gaggagaccg aagccaggga cggaggagga 1740
 ggaagaggag gaggagatgg tccctgcccc tcagcatgtc ac 1782

<210> 9

<211> 2735

<212> DNA

<213> Human

<400> 9

attgtctggg aattgcagcc gcggggcggg cggcggcggc ggccggcgcc gccgggaccc 60
agcgggccag gtggggacgg cgcgagcggt gtgcgggaga tgccgtgcgg gactggggcc 120
acctgagccg cccgcctcgt cccgccttc tgtgggaagg atgtgcgcgc ggatggccgg 180
tcgcacaaca gcggcccctc gggggcccta cgccccctgg ctctgcctcc tgggtggcct 240
cgccctggac gtcgtgagag tggactgtgg ccaggctccc ctggaccctg ggctgcatgt 300
gacagccgcc cgcccagccc agcccacact ctggactgcc aagctggacc gcttcaaggg 360
ctccaggcac cacaccacc tcatacctg ccaccgtgct ggggtcacag agccagattc 420
cagcagtcct cttgaactgt ctgagttcct atgggtggac tttgtggtgg agaatagcac 480
tgggtggggc gtagcgggtca ctgcgccgt cacgtggcag ctggagtacc caggccaggc 540
ccctgaagca gagaaggaca aaatggtgtg ggaaatcctg gtgtctgagc gggacatcag 600
agcccttatc ccactggcca aggctgagga gctggtgaat acagcaccac tgactggagt 660
gccccagcat gtccccgtgc gccttgtcac tgtggacggc gggggggcct tgggtggagg 720
gacagagcat gtcggctgcg agtctgcaa cacacaggct ctgcagggtg ctgaggcctg 780
tgatgccgtg ttcgtggctg gcaaggagag ccggggcgcc cgggggggtg gagtggactt 840
ctggtggcgc cggtccgcg cctcgtgcg gctgaccgtg tgggcccccc tgctaccgt 900
gcgtatcgag ctcaccgaca ccaccctga gcaggctccg ggctggaggg tacctggccc 960
tgctgaaggg cctgcggaac ccgctgcaga ggcgtcggat gaggccgagc ggcgcgccc 1020
tggctgccac ctgcagtacc agcgggccgg tgtgcgcttc ctgcgccct tcgcggccca 1080
cccgtggac ggcggccgcc gcctcacga cctgcttggc cccgactggc tgctagacgt 1140
gtccacctc gtggcgccac acgcccgcgt gctggactcg cgtgtagcct ctctggaggg 1200
tggccgtgtc gtggtgggcc gggagcccgg tgtcacctcc attgaggtgc gttccccact 1260
gtctgactcc atcctggggg agcaggcgct ggctgtgacg gacgacaagg tctcagtgt 1320
ggagctgagg gtgcagccag tgatgggcat ctcgtgacc ttgagccggg gactgcccc 1380
ccccggggag gtcacagcta cgtgctgggc acagtcagcc cttcccggc caaagcagga 1440
ggtggccctc tccctatggc tgccttctc tgatcacact gtggccccag ctgagctcta 1500
cgaccgccgt gacctgggac tgtccgtctc agccgaggag cctggtgcca tcctgccagc 1560

tgaggagcag ggtgcccagc tcggggtggt ggtgagtggg gcaggcgccg aggggctgcc 1620
 gctgcatgtg gctctgcacc cgcccagacc ctgccgccgg ggccgccacc gtgtgcctct 1680
 ggcctctggc accgcctggc tggggctgcc ccctgcctcc actccagccc ctgctctccc 1740
 atccagccct gcttggagcc caccagccac agaagccacc atgggtggta aacggcaggt 1800
 ggcaggcagt gtcgggggca acacaggtgt gaggggcaag tttgagcggg cagaggagga 1860
 ggccaggaag gaggagaccg aagccaggga cggaggagga ggaagaggag gaggagatgg 1920
 tccctgcccc tcagcatgtc actgagctag agctgggcat gtacgccctg ctgggagtct 1980
 tctgctggc catcttcac ttcttgggtca atggtgtggt ctctgtcctg cgctatcagc 2040
 gcaaagaacc tcccacagt gccactgacc ccacctcccc ccagccccac aactgggtct 2100
 ggctgggcac tgaccaggag gaactgagcc gccagctgga cgggcagtcc cctggccccg 2160
 ccaaggggga ggggagctgc ccctgtgaga gtgggggagg aggggaggcc cctaccctgg 2220
 cccctggccc tcctgggggc accaccagct cctcaagcac cctggcccga aaggaggctg 2280
 gggggcgcg gaagcgagta gagtttgtga catttgccg agcccctcca gccagtcac 2340
 ctgaggagcc ttagggggcc cctgctgtgc agtccatcct tgtggcaggc gaggaggaca 2400
 tccgctgggt gtgtgaggac atggggctga aggaccctga ggagcttcgc aactacatgg 2460
 agaggatccg gggcagctcc tgaccctcca cagccacctg gtcagccacc agctggggca 2520
 acgagggtgg aggtccact gagcctctcg cctgcccccg ccactcgtct ggtgcttgtt 2580
 gatccaagtc ccctgcctgg tccccacaa ggactcccat ccaggcccc tctgccctgc 2640
 cccttgtcat ggaccatggt cgtgaggaag ggctcatgcc ccttatttat gggaaccatt 2700
 tcattctaac agaataaacc gagaaggaaa ccaga 2735

<210> 10

<211> 639

<212> PRT

<213> Human

<400> 10

Met Val Trp Glu Ile Leu Val Ser Glu Arg Asp Ile Arg Ala Leu Ile

5

10

15

Pro Leu Ala Lys Ala Glu Glu Leu Val Asn Thr Ala Pro Leu Thr Gly

20	25	30
Val Pro Gln His Val Pro Val Arg Leu Val Thr Val Asp Gly Gly Gly		
35	40	45
Ala Leu Val Glu Val Thr Glu His Val Gly Cys Glu Ser Ala Asn Thr		
50	55	60
Gln Val Leu Gln Val Ser Glu Ala Cys Asp Ala Val Phe Val Ala Gly		
65	70	75
Lys Glu Ser Arg Gly Ala Arg Gly Val Arg Val Asp Phe Trp Trp Arg		
85	90	95
Arg Leu Arg Ala Ser Leu Arg Leu Thr Val Trp Ala Pro Leu Leu Pro		
100	105	110
Leu Arg Ile Glu Leu Thr Asp Thr Thr Leu Glu Gln Val Arg Gly Trp		
115	120	125
Arg Val Pro Gly Pro Ala Glu Gly Pro Ala Glu Pro Ala Ala Glu Ala		
130	135	140
Ser Asp Glu Ala Glu Arg Arg Ala Arg Gly Cys His Leu Gln Tyr Gln		
145	150	155
Arg Ala Gly Val Arg Phe Leu Ala Pro Phe Ala Ala His Pro Leu Asp		
165	170	175
Gly Gly Arg Arg Leu Thr His Leu Leu Gly Pro Asp Trp Leu Leu Asp		
180	185	190
Val Ser His Leu Val Ala Pro His Ala Arg Val Leu Asp Ser Arg Val		
195	200	205
Ala Ser Leu Glu Gly Gly Arg Val Val Val Gly Arg Glu Pro Gly Val		
210	215	220
Thr Ser Ile Glu Val Arg Ser Pro Leu Ser Asp Ser Ile Leu Gly Glu		
225	230	235
Gln Ala Leu Ala Val Thr Asp Asp Lys Val Ser Val Leu Glu Leu Arg		
245	250	255

Val Gln Pro Val Met Gly Ile Ser Leu Thr Leu Ser Arg Gly Thr Ala
260 265 270
His Pro Gly Glu Val Thr Ala Thr Cys Trp Ala Gln Ser Ala Leu Pro
275 280 285
Ala Pro Lys Gln Glu Val Ala Leu Ser Leu Trp Leu Ser Phe Ser Asp
290 295 300
His Thr Val Ala Pro Ala Glu Leu Tyr Asp Arg Arg Asp Leu Gly Leu
305 310 315 320
Ser Val Ser Ala Glu Glu Pro Gly Ala Ile Leu Pro Ala Glu Glu Gln
325 330 335
Gly Ala Gln Leu Gly Val Val Val Ser Gly Ala Gly Ala Glu Gly Leu
340 345 350
Pro Leu His Val Ala Leu His Pro Pro Glu Pro Cys Arg Arg Gly Arg
355 360 365
His Arg Val Pro Leu Ala Ser Gly Thr Ala Trp Leu Gly Leu Pro Pro
370 375 380
Ala Ser Thr Pro Ala Pro Ala Leu Pro Ser Ser Pro Ala Trp Ser Pro
385 390 395 400
Pro Ala Thr Glu Ala Thr Met Gly Gly Lys Arg Gln Val Ala Gly Ser
405 410 415
Val Gly Gly Asn Thr Gly Val Arg Gly Lys Phe Glu Arg Ala Glu Glu
420 425 430
Glu Ala Arg Lys Glu Glu Thr Lys Ala Arg Glu Glu Glu Glu Glu
435 440 445
Glu Glu Glu Met Val Pro Ala Pro Gln His Val Thr Glu Leu Glu Leu
450 455 460
Gly Met Tyr Ala Leu Leu Gly Val Phe Cys Val Ala Ile Phe Ile Phe
465 470 475 480
Leu Val Asn Gly Val Val Phe Val Leu Arg Tyr Gln Arg Lys Glu Pro

485 490 495
 Pro Asp Ser Ala Thr Asp Pro Thr Ser Pro Gln Pro His Asn Trp Val
 500 505 510
 Trp Leu Gly Thr Asp Gln Glu Glu Leu Ser Arg Gln Leu Asp Arg Gln
 515 520 525
 Ser Pro Gly Pro Pro Lys Gly Glu Gly Ser Cys Pro Cys Glu Ser Gly
 530 535 540
 Gly Gly Gly Glu Ala Pro Thr Leu Ala Pro Gly Pro Pro Gly Gly Thr
 545 550 555 560
 Thr Ser Ser Ser Ser Thr Leu Ala Arg Lys Glu Ala Gly Gly Arg Arg
 565 570 575
 Lys Arg Val Glu Phe Val Thr Phe Ala Pro Ala Pro Pro Ala Gln Ser
 580 585 590
 Pro Glu Glu Pro Val Gly Ala Pro Ala Val Gln Ser Ile Leu Val Ala
 595 600 605
 Gly Glu Glu Asp Ile Arg Trp Val Cys Glu Asp Met Gly Leu Lys Asp
 610 615 620
 Pro Glu Glu Leu Arg Asn Tyr Met Glu Arg Ile Arg Gly Ser Ser
 625 630 635

<210> 11

<211> 1917

<212> DNA

<213> Human

<400> 11

atggtgtggg aaatcctggt gtctgagcgg gacatcagag cccttatccc actggccaag 60
 gctgaggagc tggtaatac agcaccactg actggagtgc cccagcatgt ccccgctgcgc 120
 cttgtcactg tggacggcgg gggggccttg gtggaggtga cagagcatgt cggctgcgag 180
 tctgccaaca cacaggtcct gcaggtgtct gaggcctgtg atgccgtgtt cgtggctggc 240

aaggagagcc ggggcgcccg ggggggtgcga gtggacttct ggtggcgccg gctccgcgcc 300
tcgctgcggc tgaccgtgtg ggccccctg ctaccgctgc gtatcgagct caccgacacc 360
accctcgagc aggtccgcgg ctggagggtta cctggccctg ctgaagggcc tgcggaaccc 420
gctgcagagg cgtcggatga ggccgagcgg cgcgcccgtg gctgccacct gcagtaccag 480
cgggcccgtg tgcgtttcct cgcccccttc gcggcccacc cgctggacgg cggccgcgcg 540
ctcacgcacc tgcttgcccc cgactggctg ctagacgtgt cccacctcgt ggcgccacac 600
gcccgcgtgc tggactcgcg tgtagcctct ctggagggtg gccgtgtcgt ggtgggcccgg 660
gagcccgtg tcacctccat tgagggtcgt tccccactgt ctgactccat cctgggggag 720
caggcgctgg ctgtgacgga cgacaaggct tcagtgtcgg agctgagggt gcagccagtg 780
atgggcatct cgctgacctt gagccggggc actgcccacc ccggggagggt cacagctacg 840
tgctgggcac agtcagccct tcccgcacca aagcaggagg tggccctctc cctatggctg 900
tccttctctg atcacactgt ggccccagct gagctctacg accgccgtga cctgggactg 960
tccgtctcag ccgaggagcc tggtgccatc ctgccagctg aggagcaggg tgcccagctc 1020
gggggtggtg tgagtggggc aggcgcggag gggctgccgc tgcattgtggc tctgcacccg 1080
cccagaccct gccgccgggg ccgccaccgt gtgcctcttg cctctggcac cgcctggctg 1140
gggctgcccc ctgcctccac tccagcccct gctctcccat ccagccctgc ttggagccca 1200
ccagccacag aagccaccat ggggtggtaaa cggcagggtg caggcagtgt cgggggcaac 1260
acagggtgtg ggggcaagtt tgagcgggca gaggaggagg ccaggaagga ggagacaaaa 1320
gccagggagg aggaggagga agaggaggag gagatgggtc ctgcccctca gcatgtcact 1380
gagctagagc tgggcatgta cgccctgctg ggagtcttct gcgtggccat cttcatcttc 1440
ttggtcaatg gtgtggctctt cgtcctgcgc tatcagcgca aagaacctcc cgacagtgcc 1500
actgaccca cctccccca gcccacaac tgggtctggc tgggcactga ccaggaggaa 1560
ctgagccgcc agctggaccg gcagtcccct ggcccgcga agggggagggg gagctgcccc 1620
tgtgagagtg ggggaggagg ggaggccct accctggccc ctggccctcc tgggggcacc 1680
accagctcct caagcacctt ggcccgaag gaggctgggg ggcggcgga gcgagtagag 1740
tttgtgacat ttgcgccagc ccctccagcc cagtcacctg aggagcctgt aggggcccct 1800
gctgtgcagt ccatacttgt ggcaggcgag gaggacatcc gctgggtgtg tgaggacatg 1860
gggctgaagg accctgagga gcttcgcaac tacatggaga ggatccgggg cagctcc 1917

<210> 12

<211> 2235

<212> DNA

<213> Human

<400> 12

cactcgcccc gtcacgtggc agctggagta cccaggccag gcccctgaag cagagaagga 60
caaaatggtg tgggaaatcc tgggtgtctga gcgggacatc agagccctta tccactggc 120
caaggctgag gagctggtga atacagcacc actgactgga gtgccccagc atgtccccgt 180
gcgccttgtc actgtggacg gcgggggggc cttggtggag gtgacagagc atgtcggctg 240
cgagtctgcc aacacacagg tcctgcaggt gtctgaggcc tgtgatgccg tgttcgtggc 300
tggcaaggag agccggggcg cccggggggt gcgagtggac ttctggtggc gccggctccg 360
cgctcgctg cggtgaccg tgtgggcccc cctgctaccg ctgcgtatcg agctcaccga 420
caccaccctc gagcaggtcc gcggctggag ggtacctggc cctgctgaag ggcctgcgga 480
acccgctgca gaggcgtcgg atgaggccga gcggcgcgcc cgtggctgcc acctgcagta 540
ccagcgggcc ggtgtgcgct tcctcgcccc cttcgcggcc caccgctgg acggcggccg 600
ccgcctcacg cacctgcttg gcccgactg gctgctagac gtgtcccacc tcgtggcgcc 660
acacgcccgc gtgctggact cgcgtgtagc ctctctggag ggtggccgtg tcgtggtggg 720
ccgggagccc ggtgtcacct ccattgaggt gcgttcccca ctgtctgact ccatcctggg 780
ggagcaggcg ctggctgtga cggacgaaa ggtctcagtg ctggagctga ggggtgcagcc 840
agtgatgggc atctcgctga ccttagaccg gggcactgcc caccggggg aggtcacagc 900
tacgtgctgg gcacagtcag cccttcccgc ccaaagcag gaggtggccc tctccctatg 960
gctgtccttc tctgatcaca ctgtggcccc agctgagctc tacgaccgcc gtgacctggg 1020
actgtccgtc tcagccgagg agcctggtgc catcctgcca gctgaggagc aggggtgccc 1080
gctcggggtg gtggtgagtg gggcaggcgc cgaggggctg ccgctgcatg tggctctgca 1140
ccgccccgag ccctgccgcc ggggccgcca ccgtgtgcct ctggcctctg gcaccgctg 1200
gctggggctg cccctgcct ccactccagc ccctgctctc ccatccagcc ctgcttggag 1260
cccaccagcc acagaagcca ccatgggtgg taaacggcag gtggcaggca gtgtcggggg 1320
caacacaggt gtgaggggca agtttgagcg ggcagaggag gaggccagga aggaggagac 1380
caaagccagg gaggaggagg aggaagagga ggaggagatg gtccctgccc ctgagcatgt 1440

cactgagcta gagctgggca tgtacgccct gctgggagtc ttctgctgg ccatttcat 1500
 cttcttggtc aatggtgtgg tcttcgtcct gcgctatcag cgcaaagaac ctcccagacag 1560
 tgccactgac cccacctccc cccagcccca caactgggtc tggctgggca ctgaccagga 1620
 ggaactgagc cgccagctgg accggcagtc ccctggcccg cccaaggggg aggggagctg 1680
 cccctgtgag agtggggggag gaggggaggc ccctaccctg gcccctggcc ctcctggggg 1740
 caccaccagc tcctcaagca ccctggcccg aaaggaggct ggggggcggc ggaagcgagt 1800
 agagtttgtg acatttgcgc cagcccctcc agcccagtca cctgaggagc ctgtaggggc 1860
 ccctgctgtg cagtccatcc ttgtggcagg cgaggaggac atccgctggg tgtgtgagga 1920
 catggggctg aaggaccctg aggagcttcg caactacatg gagaggatcc ggggcagctc 1980
 ctgaccctcc acagccacct ggtcagccac cagctggggc aacgagggtg gaggtccac 2040
 tgagcctctc gcctgcccc gccactcgtc tggtgcttgt tgatccaagt cccctgcctg 2100
 gtccccaca aggactccca tccaggcccc ctctgccctg ccccttgtca tggaccatgg 2160
 tcgtgaggaa gggctcatgc ccctatttta tgggaacat ttcattctaa cagaataaac 2220
 cgagaaggaa accag 2235

<210> 13

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Designed oligonucleotide

<400> 13

agaccacacc attgaccaag

20

<210> 14

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Designed oligonucleotide

<400> 14

gaaccagtta ccacaccaga

20

<210> 15

<211> 1024

<212> PRT

<213> Human

<400> 15

Met Cys Ala Arg Met Ala Gly Arg Thr Thr Ala Ala Pro Arg Gly Pro

5

10

15

Tyr Gly Pro Trp Leu Cys Leu Leu Val Ala Leu Ala Leu Asp Val Val

20

25

30

Arg Val Asp Cys Gly Gln Ala Pro Leu Asp Pro Val Tyr Leu Pro Ala

35

40

45

Ala Leu Glu Leu Leu Asp Ala Pro Glu His Phe Arg Val Gln Gln Val

50

55

60

Gly His Tyr Pro Pro Ala Asn Ser Ser Leu Ser Ser Arg Ser Glu Thr

65

70

75

80

Phe Leu Leu Leu Gln Pro Trp Pro Arg Ala Gln Pro Leu Leu Arg Ala

85

90

95

Ser Tyr Pro Pro Phe Ala Thr Gln Gln Val Val Pro Pro Arg Val Thr

100

105

110

Glu Pro His Gln Arg Pro Val Pro Trp Asp Val Arg Ala Val Ser Val

115

120

125

Glu Ala Ala Val Thr Pro Ala Glu Pro Tyr Ala Arg Val Leu Phe His

130

135

140

Leu Lys Gly Gln Asp Trp Pro Pro Gly Ser Gly Ser Leu Pro Cys Ala

145

150

155

160

Arg Leu His Ala Thr His Pro Ala Gly Thr Ala His Gln Ala Cys Arg
165 170 175
Phe Gln Pro Ser Leu Gly Ala Cys Val Val Glu Leu Glu Leu Pro Ser
180 185 190
His Trp Phe Ser Gln Ala Ser Thr Thr Arg Ala Glu Leu Ala Tyr Thr
195 200 205
Leu Glu Pro Ala Ala Glu Gly Pro Gly Gly Cys Gly Ser Gly Glu Glu
210 215 220
Asn Asp Pro Gly Glu Gln Ala Leu Pro Val Gly Gly Val Glu Leu Arg
225 230 235 240
Pro Ala Asp Pro Pro Gln Tyr Gln Glu Val Pro Leu Asp Glu Ala Val
245 250 255
Thr Leu Arg Val Pro Asp Met Pro Val Arg Pro Gly Gln Leu Phe Ser
260 265 270
Ala Thr Leu Leu Leu Arg His Asn Phe Thr Ala Ser Leu Leu Thr Leu
275 280 285
Arg Ile Lys Val Lys Lys Gly Leu His Val Thr Ala Ala Arg Pro Ala
290 295 300
Gln Pro Thr Leu Trp Thr Ala Lys Leu Asp Arg Phe Lys Gly Ser Arg
305 310 315 320
His His Thr Thr Leu Ile Thr Cys His Arg Ala Gly Leu Thr Glu Pro
325 330 335
Asp Ser Ser Ser Pro Leu Glu Leu Ser Glu Phe Leu Trp Val Asp Phe
340 345 350
Val Val Glu Asn Ser Thr Gly Gly Gly Val Ala Val Thr Arg Pro Val
355 360 365
Thr Trp Gln Leu Glu Tyr Pro Gly Gln Ala Pro Glu Ala Glu Lys Asp
370 375 380
Lys Met Val Trp Glu Ile Leu Val Ser Glu Arg Asp Ile Arg Ala Leu

385 390 395 400
Ile Pro Leu Ala Lys Ala Glu Glu Leu Val Asn Thr Ala Pro Leu Thr
 405 410 415
Gly Val Pro Gln His Val Pro Val Arg Leu Val Thr Val Asp Gly Gly
 420 425 430
Gly Ala Leu Val Glu Val Thr Glu His Val Gly Cys Glu Ser Ala Asn
 435 440 445
Thr Gln Val Leu Gln Val Ser Glu Ala Cys Asp Ala Val Phe Val Ala
 450 455 460
Gly Lys Glu Ser Arg Gly Ala Arg Gly Val Arg Val Asp Phe Trp Trp
465 470 475 480
Arg Arg Leu Arg Ala Ser Leu Arg Leu Thr Val Trp Ala Pro Leu Leu
 485 490 495
Pro Leu Arg Ile Glu Leu Thr Asp Thr Thr Leu Glu Gln Val Arg Gly
 500 505 510
Trp Arg Val Pro Gly Pro Ala Glu Gly Pro Ala Glu Pro Ala Ala Glu
 515 520 525
Ala Ser Asp Glu Ala Glu Arg Arg Ala Arg Gly Cys His Leu Gln Tyr
 530 535 540
Gln Arg Ala Gly Val Arg Phe Leu Ala Pro Phe Ala Ala His Pro Leu
545 550 555 560
Asp Gly Gly Arg Arg Leu Thr His Leu Leu Gly Pro Asp Trp Leu Leu
 565 570 575
Asp Val Ser His Leu Val Ala Pro His Ala Arg Val Leu Asp Ser Arg
 580 585 590
Val Ala Ser Leu Glu Gly Gly Arg Val Val Val Gly Arg Glu Pro Gly
 595 600 605
Val Thr Ser Ile Glu Val Arg Ser Pro Leu Ser Asp Ser Ile Leu Gly
610 615 620

Glu Gln Ala Leu Ala Val Thr Asp Asp Lys Val Ser Val Leu Glu Leu
625 630 635 640
Arg Val Gln Pro Val Met Gly Ile Ser Leu Thr Leu Ser Arg Gly Thr
645 650 655
Ala His Pro Gly Glu Val Thr Ala Thr Cys Trp Ala Gln Ser Ala Leu
660 665 670
Pro Ala Pro Lys Gln Glu Val Ala Leu Ser Leu Trp Leu Ser Phe Ser
675 680 685
Asp His Thr Val Ala Pro Ala Glu Leu Tyr Asp Arg Arg Asp Leu Gly
690 695 700
Leu Ser Val Ser Ala Glu Glu Pro Gly Ala Ile Leu Pro Ala Glu Glu
705 710 715 720
Gln Gly Ala Gln Leu Gly Val Val Val Ser Gly Ala Gly Ala Glu Gly
725 730 735
Leu Pro Leu His Val Ala Leu His Pro Pro Glu Pro Cys Arg Arg Gly
740 745 750
Arg His Arg Val Pro Leu Ala Ser Gly Thr Ala Trp Leu Gly Leu Pro
755 760 765
Pro Ala Ser Thr Pro Ala Pro Ala Leu Pro Ser Ser Pro Ala Trp Ser
770 775 780
Pro Pro Ala Thr Glu Ala Thr Met Gly Gly Lys Arg Gln Val Ala Gly
785 790 795 800
Ser Val Gly Gly Asn Thr Gly Val Arg Gly Lys Phe Glu Arg Ala Glu
805 810 815
Glu Glu Ala Arg Lys Glu Glu Thr Glu Ala Arg Glu Glu Glu Glu
820 825 830
Glu Glu Glu Glu Met Val Pro Ala Pro Gln His Val Thr Glu Leu Glu
835 840 845
Leu Gly Met Tyr Ala Leu Leu Gly Val Phe Cys Val Ala Ile Phe Ile

850 855 860
 Phe Leu Val Asn Gly Val Val Phe Val Leu Arg Tyr Gln Arg Lys Glu
 865 870 875 880
 Pro Pro Asp Ser Ala Thr Asp Pro Thr Ser Pro Gln Pro His Asn Trp
 885 890 895
 Val Trp Leu Gly Thr Asp Gln Glu Glu Leu Ser Arg Gln Leu Asp Arg
 900 905 910
 Gln Ser Pro Gly Pro Pro Lys Gly Glu Gly Ser Cys Pro Cys Glu Ser
 915 920 925
 Gly Gly Gly Gly Glu Ala Pro Thr Leu Ala Pro Gly Pro Pro Gly Gly
 930 935 940
 Thr Thr Ser Ser Ser Ser Thr Leu Ala Arg Lys Glu Ala Gly Gly Arg
 945 950 955 960
 Arg Lys Arg Val Glu Phe Val Thr Phe Val Pro Ala Pro Pro Ala Gln
 965 970 975
 Ser Pro Glu Glu Pro Val Gly Ala Pro Ala Val Gln Ser Ile Leu Val
 980 985 990
 Ala Gly Glu Glu Asp Ile Arg Trp Val Cys Glu Asp Met Gly Leu Lys
 995 1000 1005
 Asp Pro Glu Glu Leu Arg Asn Tyr Met Glu Arg Ile Arg Gly Ser Ser
 1010 1015 1020

<210> 16

<211> 3072

<212> DNA

<213> Human

<400> 16

atgtgcgcgc ggatggccgg tcgcacaaca gcggcccctc gggggcccta cggcccctgg 60
 ctctgcctcc tgggtggcct cgccctggac gtcgtgagag tggactgtgg ccaggctccc 120

ctggaccctg tctacctgcc ggcagccctg gagctcctag acgcccctga acacttccgt 180
gtgcagcagg tgggccacta cccacctgcc aactcctctc tgagctcccg atctgagacc 240
tttctgctcc tacagccctg gccagggcc cagccacttc tccgggcctc ctaccacct 300
tttgccactc agcaggtggt cccccctcga gtcactgagc cccaccaacg gccagtccca 360
tgggacgtgc gggccgtttc agtgaagcg gctgtgactc cagcagagcc ctacggccgg 420
gttctcttcc acctcaaagg gcaggattgg ccaccagggt ctggcagcct gccctgtgcc 480
cggctccatg ccacacaccc tgcaggcact gtcaccaag cctgccgctt ccagccatcc 540
ctggggcgct gcgtggtgga gctggagctt ccctcgcact ggttctcaca ggcctccacc 600
acacgggccg agctggccta cacgcttgag cctgcagctg agggccctgg gggctgtggc 660
tccggcgagg agaacgaccc tggggagcag gccctccag tgggggggtgt ggagctgcgc 720
ccagcagacc cccgcagta ccaggaggta cctctggacg aggctgtgac tctgcgggtg 780
cctgacatgc cagtgcggcc cggccagctc tttagtgcta ccctcctgct tcggcacaac 840
ttcacagcca gcctcctgac cctgcggatc aaggtgaaga aggggctgca tgtgacagcc 900
gcccggccag cccagcccac actctggact gccaagctag accgcttcaa gggctccagg 960
caccacacca ccctcatcac ctgccaccgt gctgggctca cagagccaga ttccagcagt 1020
ccccttgaac tgtctgagtt cctatgggtg gactttgtgg tggagaatag cactggtggg 1080
ggcgtagcgg tcaactgccc cgtcacgtgg cagctggagt acccaggcca ggcccctgaa 1140
gcagagaagg acaaatggt gtgggaaatc ctggtgtctg agcgggacat cagagccctt 1200
atcccaactgg ccaaggctga ggagctggtg aatacagcac cactgactgg agtgccccag 1260
catgtccccg tgcgccttgt cactgtggac ggccggggggg ccttggtgga ggtgacagag 1320
catgtcggct gcgagtctgc caacacacag gtcctgcagg tgtctgaggc ctgtgatgcc 1380
gtgttcgtgg ctggcaagga gagccggggc gcccgggggg tgcgagtgga cttctggtgg 1440
cgccggctcc gcgcctcgt gcggctgacc gtgtggggcc cgctgctacc gctgcgtatc 1500
gagctcaccg acaccacct cgagcaggtc cgcggctgga gggtaacctg ccctgctgaa 1560
gggcctgcgg aaccgcgtgc agaggcgtca gatgaggccg agcggcgcg ccgtggctgc 1620
cacctgcagt accagcgggc cgggtgtgcgc ttcctcgccc ccttcgggc ccaccgctg 1680
gacggcggcc gccgcctcac gcacctgctt ggccccgact ggctgctaga cgtgtccac 1740
ctcgtggcgc cacacgccc cgtgctggac tcgctgtag cctctctgga ggggtggccgt 1800
gtcgtgggtg gccgggagcc cgggtgtcacc tccattgagg tgcgttcccc actgtctgac 1860

tccatcctgg gggagcaggc gctggctgtg acggacgaca aggtctcagt gctggagctg 1920
 aggggtgcagc cagtgatggg catctcgctg accttgagcc ggggcactgc ccaccccggg 1980
 gaggtcacag ctacgtgctg ggcacagtca gcccttcccg ccccaaagca ggaggtggcc 2040
 ctctccctat ggctgtcctt ctctgatcac actgtggccc cagctgagct ctacgaccgc 2100
 cgtgacctgg gactgtccgt ctacgccgag gagcctgggtg ccaccttgcc agctgaggag 2160
 cagggtgccc agctcggggg ggtgggtgagt ggggcaggcg ccgaggggct gccgctgcat 2220
 gtggctctgc acccgcccga gccctgccgc cggggccgcc accgtgtgcc tctggcctct 2280
 ggcaccgcct ggctgggggt gccccttgcc tccactccag cccctgctct cccatccagc 2340
 cctgcttga gccaccagc cacagaagcc accatgggtg gtaaaccgca ggtggcaggc 2400
 agtgtcgggg gcaacacagg tgtgaggggc aagtttgagc gggcagagga ggaggccagg 2460
 aaggaggaga ccgaagccag ggaggaggag gaggaagagg aggaggagat ggtccctgcc 2520
 cctcagcatg tactgagct agagctgggc atgtacgcc tgctgggagt ctctgcgtg 2580
 gccatcttca tcttcttggg caatgggtgtg gtcttcgtcc tgcgctatca gcgcaaagaa 2640
 cctcccgaca gtgccactga cccacctcc cccagcccc acaactgggt ctggctgggc 2700
 actgaccagg aggaactgag ccgccagctg gaccggcagt cccctggccc gcccaagggg 2760
 gaggggagct gcccctgtga gagtggggga ggaggggagg cccctaccct ggcccctggc 2820
 cctcctgggg gcaccaccag ctctcaagc accctggccc gaaaggaggc tggggggcgg 2880
 cggaagcgag tagagtttgt gacatttgt ccagcccctc cagcccagtc acctgaggag 2940
 cctgtagggg cccctgctgt gcagtcctc cttgtggcag gcgaggagga catccgctgg 3000
 gtgtgtgagg acatggggct gaaggaccct gaggagcttc gcaactacat ggagaggatc 3060
 cggggcagct cc 3072

<210> 17

<211> 1020

<212> PRT

<213> Human

<400> 17

Met Ala Gly Arg Thr Thr Ala Ala Pro Arg Gly Pro Tyr Gly Pro Trp

5

10

15

Leu Cys Leu Leu Val Ala Leu Ala Leu Asp Val Val Arg Val Asp Cys
 20 25 30
 Gly Gln Ala Pro Leu Asp Pro Val Tyr Leu Pro Ala Ala Leu Glu Leu
 35 40 45
 Leu Asp Ala Pro Glu His Phe Arg Val Gln Gln Val Gly His Tyr Pro
 50 55 60
 Pro Ala Asn Ser Ser Leu Ser Ser Arg Ser Glu Thr Phe Leu Leu Leu
 65 70 75 80
 Gln Pro Trp Pro Arg Ala Gln Pro Leu Leu Arg Ala Ser Tyr Pro Pro
 85 90 95
 Phe Ala Thr Gln Gln Val Val Pro Pro Arg Val Thr Glu Pro His Gln
 100 105 110
 Arg Pro Val Pro Trp Asp Val Arg Ala Val Ser Val Glu Ala Ala Val
 115 120 125
 Thr Pro Ala Glu Pro Tyr Ala Arg Val Leu Phe His Leu Lys Gly Gln
 130 135 140
 Asp Trp Pro Pro Gly Ser Gly Ser Leu Pro Cys Ala Arg Leu His Ala
 145 150 155 160
 Thr His Pro Ala Gly Thr Ala His Gln Ala Cys Arg Phe Gln Pro Ser
 165 170 175
 Leu Gly Ala Cys Val Val Glu Leu Glu Leu Pro Ser His Trp Phe Ser
 180 185 190
 Gln Ala Ser Thr Thr Arg Ala Glu Leu Ala Tyr Thr Leu Glu Pro Ala
 195 200 205
 Ala Glu Gly Pro Gly Gly Cys Gly Ser Gly Glu Glu Asn Asp Pro Gly
 210 215 220
 Glu Gln Ala Leu Pro Val Gly Gly Val Glu Leu Arg Pro Ala Asp Pro
 225 230 235 240
 Pro Gln Tyr Gln Glu Val Pro Leu Asp Glu Ala Val Thr Leu Arg Val

245	250	255
Pro Asp Met Pro Val Arg Pro Gly Gln Leu Phe Ser Ala Thr Leu Leu		
260	265	270
Leu Arg His Asn Phe Thr Ala Ser Leu Leu Thr Leu Arg Ile Lys Val		
275	280	285
Lys Lys Gly Leu His Val Thr Ala Ala Arg Pro Ala Gln Pro Thr Leu		
290	295	300
Trp Thr Ala Lys Leu Asp Arg Phe Lys Gly Ser Arg His His Thr Thr		
305	310	315
Leu Ile Thr Cys His Arg Ala Gly Leu Thr Glu Pro Asp Ser Ser Ser		
325	330	335
Pro Leu Glu Leu Ser Glu Phe Leu Trp Val Asp Phe Val Val Glu Asn		
340	345	350
Ser Thr Gly Gly Gly Val Ala Val Thr Arg Pro Val Thr Trp Gln Leu		
355	360	365
Glu Tyr Pro Gly Gln Ala Pro Glu Ala Glu Lys Asp Lys Met Val Trp		
370	375	380
Glu Ile Leu Val Ser Glu Arg Asp Ile Arg Ala Leu Ile Pro Leu Ala		
385	390	395
Lys Ala Glu Glu Leu Val Asn Thr Ala Pro Leu Thr Gly Val Pro Gln		
405	410	415
His Val Pro Val Arg Leu Val Thr Val Asp Gly Gly Gly Ala Leu Val		
420	425	430
Glu Val Thr Glu His Val Gly Cys Glu Ser Ala Asn Thr Gln Val Leu		
435	440	445
Gln Val Ser Glu Ala Cys Asp Ala Val Phe Val Ala Gly Lys Glu Ser		
450	455	460
Arg Gly Ala Arg Gly Val Arg Val Asp Phe Trp Trp Arg Arg Leu Arg		
465	470	475
		480

Ala Ser Leu Arg Leu Thr Val Trp Ala Pro Leu Leu Pro Leu Arg Ile
 485 490 495
 Glu Leu Thr Asp Thr Thr Leu Glu Gln Val Arg Gly Trp Arg Val Pro
 500 505 510
 Gly Pro Ala Glu Gly Pro Ala Glu Pro Ala Ala Glu Ala Ser Asp Glu
 515 520 525
 Ala Glu Arg Arg Ala Arg Gly Cys His Leu Gln Tyr Gln Arg Ala Gly
 530 535 540
 Val Arg Phe Leu Ala Pro Phe Ala Ala His Pro Leu Asp Gly Gly Arg
 545 550 555 560
 Arg Leu Thr His Leu Leu Gly Pro Asp Trp Leu Leu Asp Val Ser His
 565 570 575
 Leu Val Ala Pro His Ala Arg Val Leu Asp Ser Arg Val Ala Ser Leu
 580 585 590
 Glu Gly Gly Arg Val Val Val Gly Arg Glu Pro Gly Val Thr Ser Ile
 595 600 605
 Glu Val Arg Ser Pro Leu Ser Asp Ser Ile Leu Gly Glu Gln Ala Leu
 610 615 620
 Ala Val Thr Asp Asp Lys Val Ser Val Leu Glu Leu Arg Val Gln Pro
 625 630 635 640
 Val Met Gly Ile Ser Leu Thr Leu Ser Arg Gly Thr Ala His Pro Gly
 645 650 655
 Glu Val Thr Ala Thr Cys Trp Ala Gln Ser Ala Leu Pro Ala Pro Lys
 660 665 670
 Gln Glu Val Ala Leu Ser Leu Trp Leu Ser Phe Ser Asp His Thr Val
 675 680 685
 Ala Pro Ala Glu Leu Tyr Asp Arg Arg Asp Leu Gly Leu Ser Val Ser
 690 695 700
 Ala Glu Glu Pro Gly Ala Ile Leu Pro Ala Glu Glu Gln Gly Ala Gln

705 710 715 720
Leu Gly Val Val Val Ser Gly Ala Gly Ala Glu Gly Leu Pro Leu His
 725 730 735
Val Ala Leu His Pro Pro Glu Pro Cys Arg Arg Gly Arg His Arg Val
 740 745 750
Pro Leu Ala Ser Gly Thr Ala Trp Leu Gly Leu Pro Pro Ala Ser Thr
 755 760 765
Pro Ala Pro Ala Leu Pro Ser Ser Pro Ala Trp Ser Pro Pro Ala Thr
 770 775 780
Glu Ala Thr Met Gly Gly Lys Arg Gln Val Ala Gly Ser Val Gly Gly
785 790 795 800
Asn Thr Gly Val Arg Gly Lys Phe Glu Arg Ala Glu Glu Glu Ala Arg
 805 810 815
Lys Glu Glu Thr Glu Ala Arg Glu Glu Glu Glu Glu Glu Glu Glu
 820 825 830
Met Val Pro Ala Pro Gln His Val Thr Glu Leu Glu Leu Gly Met Tyr
 835 840 845
Ala Leu Leu Gly Val Phe Cys Val Ala Ile Phe Ile Phe Leu Val Asn
 850 855 860
Gly Val Val Phe Val Leu Arg Tyr Gln Arg Lys Glu Pro Pro Asp Ser
865 870 875 880
Ala Thr Asp Pro Thr Ser Pro Gln Pro His Asn Trp Val Trp Leu Gly
 885 890 895
Thr Asp Gln Glu Glu Leu Ser Arg Gln Leu Asp Arg Gln Ser Pro Gly
 900 905 910
Pro Pro Lys Gly Glu Gly Ser Cys Pro Cys Glu Ser Gly Gly Gly Gly
 915 920 925
Glu Ala Pro Thr Leu Ala Pro Gly Pro Pro Gly Gly Thr Thr Ser Ser
 930 935 940

Ser Ser Thr Leu Ala Arg Lys Glu Ala Gly Gly Arg Arg Lys Arg Val
 945 950 955 960
 Glu Phe Val Thr Phe Val Pro Ala Pro Pro Ala Gln Ser Pro Glu Glu
 965 970 975
 Pro Val Gly Ala Pro Ala Val Gln Ser Ile Leu Val Ala Gly Glu Glu
 980 985 990
 Asp Ile Arg Trp Val Cys Glu Asp Met Gly Leu Lys Asp Pro Glu Glu
 995 1000 1005
 Leu Arg Asn Tyr Met Glu Arg Ile Arg Gly Ser Ser
 1010 1015 1020

<210> 18

<211> 3060

<212> DNA

<213> Human

<400> 18

atggccggtc gcacaacagc ggcccctcgg gggccctacg gccctggct ctgcctcctg 60
 gtggccctcg ccctggacgt cgtgagagt gactgtggcc aggctcccct ggaccctgtc 120
 tacctgccgg cagccctgga gtcctagac gccctgaac acttccgtgt gcagcaggtg 180
 ggccactacc cacctgcaa ctctctctg agctccgat ctgagacctt tctgctccta 240
 cagccctggc ccagggccca gccacttctc cgggcctcct acccaccttt tgccactcag 300
 caggtggtcc cccctcgagt cactgagccc caccaacggc cagtcccatg ggacgtgcgg 360
 gccgtttcag tggaagcggc tgtgactcca gcagagccct acgcccgggt tctcttcac 420
 ctcaaagggc aggattggcc accagggtct ggcagcctgc cctgtgcccg gctccatgcc 480
 acacaccctg caggcactgc tcaccaagcc tgccgcttcc agccatccct gggcgcctgc 540
 gtggtggagc tggagcttcc ctgcactgg ttctcacagg cctccaccac acgggccgag 600
 ctggcctaca cgcttgagcc tgcagctgag ggccctgggg gctgtggctc cggcgaggag 660
 aacgaccctg gggagcaggc cctcccagtg gggggtgtgg agctgcgccc agcagacccc 720
 ccgcagtacc aggaggtacc tctggacgag gctgtgactc tgcgggtgcc tgacatgcc 780

gtgcggcccc gccagctctt tagtgctacc ctctgcttc ggcacaactt cacagccagc 840
ctcctgacct tgcggatcaa ggtgaagaag gggctgcatg tgacagccgc ccgcccagcc 900
cagcccacac tctggactgc caagctagac cgcttcaagg gctccaggca ccacaccacc 960
ctcatcacct gccaccgtgc tgggctcaca gagccagatt ccagcagtcc ccttgaactg 1020
tctgagttcc tatgggtgga ctttgtggtg gagaatagca ctggtggggg cgtagcggtc 1080
actcgccccg tcacgtggca gctggagtac ccaggccagg cccctgaagc agagaaggac 1140
aaaatggtgt gggaaatcct ggtgtctgag cgggacatca gagcccttat cccactggcc 1200
aaggctgagg agctggtgaa tacagcacca ctgactggag tgccccagca tgtccccgtg 1260
cgcttgtca ctgtggacgg cggggggggcc ttggtggagg tgacagagca tgtcggctgc 1320
gagtctgcca acacacaggt cctgcagggtg tctgaggcct gtgatgccgt gttcgtggct 1380
ggcaaggaga gccggggcgc ccgggggggtg cgagtggact tctggtggcg ccggctccgc 1440
gcctcgctgc ggctgaccgt gtgggccccg ctgctaccgc tgcgtatcga gctcaccgac 1500
accacctcg agcaggtccg cggctggagg gtacctggcc ctgctgaagg gcctgcggaa 1560
cccgtgcag aggcgtcaga tgaggccgag cggcgcgccc gtggctgcca cctgcagtac 1620
cagcgggccc gtgtgcgctt cctcgcccc ttcgcgccc acccgctgga cggcggccgc 1680
cgctcacgc acctgcttgg ccccgactgg ctgctagacg tgtccacct cgtggcgcca 1740
cacgcccgc tgctggactc gcgtgtagcc tctctggagg gtggccgtgt cgtggtgggc 1800
cgggagcccc gtgtcacctc cattgagggtg cgctccccc tgtctgactc catcctgggg 1860
gagcaggcgc tggctgtgac ggacgacaag gtctcagtgc tggagctgag ggtgcagcca 1920
gtgatgggca tctcgctgac cttgagccgg ggcaactgcc accccgggga ggtcacagct 1980
acgtgctggg cacagtcagc cttcccgcc ccaaagcagg aggtggccct ctccctatgg 2040
ctgtccttct ctgatcacac tgtggcccca gctgagctct acgaccgccc tgacctggga 2100
ctgtccgtct cagccgagga gcctggtgcc atcctgccag ctgaggagca gggtgcccag 2160
ctcgggggtg tggtagtgg ggcaggcgcc gaggggctgc cgctgcatgt ggctctgcac 2220
ccgcccagac cctgccgccc gggccgccac cgtgtgcctc tggcctctgg caccgcctgg 2280
ctggggctgc cccctgcctc cactccagcc cctgctctcc catccagccc tgcttggagc 2340
ccaccagcca cagaagccac catgggtggt aaacggcagg tggcaggcag tgtcgggggc 2400
aacacaggtg tgaggggcaa gtttgagcgg gcagaggagg aggccaggaa ggaggagacc 2460
gaagccaggg aggaggagga ggaagaggag gaggagatgg tccctgcccc tcagcatgtc 2520

actgagctag agctgggcat gtacgccctg ctgggagtct tctgctggc catcttcac 2580
ttctttgtca atggtgtggt cttcgtcctg cgctatcagc gcaaagaacc tcccagacgt 2640
gccactgacc ccacctcccc ccagccccac aactgggtct ggctgggcac tgaccaggag 2700
gaactgagcc gccagctgga ccggcagtc cctggcccgc ccaaggggga ggggagctgc 2760
ccctgtgaga gtgggggagg aggggaggcc cctaccctgg cccctggccc tcctgggggc 2820
accaccagct cctcaagcac cctggcccga aaggaggctg gggggcggcg gaagcgagta 2880
gagtttgtga cttttgtgcc agcccctcca gccagtcac ctgaggagcc ttagggggcc 2940
cctgctgtgc agtccatcct tgtggcaggc gaggaggaca tccgctgggt gtgtgaggac 3000
atggggctga aggaccctga ggagcttcgc aactacatgg agaggatccg gggcagctcc 3060

<210> 19

<211> 3505

<212> DNA

<213> Human

<400> 19

attgtctggg aattgcagcc gcggggcggg cggcggcggc ggcggcggcg gccgggaccc 60
agcgggccag gtggggacgg cgcgagcgg gtgcgggaga tgccgtgcgg gactggggcc 120
acctgagccg cccgcctcgt cccgccttc tgtgggaagg atgtgcgcgc ggatggccgg 180
tcgcacaaca gcggccctc gggggcccta cgcccttg ctctgcctcc tgggtggccct 240
cgccctggac gtcgtgagag tggactgtgg ccaggctccc ctggaccctg tctacctgcc 300
ggcagccctg gagtcctag acgcccctga acacttccgt gtgcagcagg tgggccacta 360
cccacctgcc aactccttc tgagctcccg atctgagacc tttctgctcc tacagccctg 420
gcccagggcc cagccacttc tccgggcctc ctaccacct tttgccactc agcagggtgt 480
ccccctcga gtcactgagc cccaccaacg gccagtcca tgggacgtgc gggccgtttc 540
agtgggaagcg gctgtgactc cagcagagcc ctacgcccg gttctcttc acctcaaagg 600
gcaggattgg ccaccagggt ctggcagcct gccctgtgcc cggctccatg ccacacacc 660
tgcaggcact gctcaccaag cctgccgtt ccagccatcc ctgggcgcct gcgtggtgga 720
gctggagctt ccctcgcact ggtttcaca ggcctccacc acacgggccg agctggccta 780
cacgcttgag cctgcagctg agggccctgg gggctgtggc tccggcgagg agaacgacc 840

tggggagcag gccctcccag tggggggtgt ggagctgcgc ccagcagacc ccccgagta 900
ccaggaggtta cctctggacg aggtctgtgac tctgcgggtg cctgacatgc cagtgcggcc 960
cggccagctc tttagtgtta ccctcctgct tcggcacaac ttcacagcca gcctcctgac 1020
cctgcggatc aaggtgaaga aggggctgca tgtgacagcc gcccggcccag cccagcccac 1080
actctggact gccaagctag accgcttcaa gggctccagg caccacacca ccctcatcac 1140
ctgccaccgt gctgggctca cagagccaga ttccagcagt ccccttgaac tgtctgagtt 1200
cctatgggtg gactttgtgg tggagaatag cactgggtggg ggcgtagcgg tcactcggcc 1260
cgtcacgtgg cagctggagt acccaggcca ggcccctgaa gcagagaagg acaaaatggt 1320
gtgggaaatc ctggtgtctg agcgggacat cagagccctt atcccactgg ccaaggctga 1380
ggagctgggtg aatacagcac cactgactgg agtgccccag catgtccccg tgcgccttgt 1440
cactgtggac ggcggggggg ccttggtgga ggtgacagag catgtcggct gcgagtctgc 1500
caacacacag gtcctgcagg tgtctgaggc ctgtgatgcc gtgttcgtgg ctggcaagga 1560
gagccggggc gcccgggggg tgcgagtgga cttctggtgg cgccggctcc gcgcctcgt 1620
gcggctgacc gtgtggggcc cgctgctacc gctgcgtatc gagctcaccg acaccaccct 1680
cgagcaggtc cgcggctgga gggtagctgg ccctgctgaa gggcctgcgg aaccgcgtgc 1740
agaggcgtca gatgaggccg agcggcgcg cctgtggctgc cacctgcagt accagcgggc 1800
cgggtgtgcgc ttctcggccc ccttcgggc ccaccgcgtg gacggcggcc gccgcctcac 1860
gcacctgctt ggccccgact ggctgctaga cgtgtccac ctcgtggcg caccgccccg 1920
cgtgctggac tcgctgttag cctctctgga ggggtggcgt gtcgtgggtg gccgggagcc 1980
cgggtgcacc tccattgagg tgcgttcccc actgtctgac tccatcctgg gggagcaggc 2040
gctggctgtg acggacgaca aggtctcagt gctggagctg aggggtgcagc cagtgatggg 2100
catctcgtg acctgagcc ggggcactgc ccaccgcgg gaggtcacag ctacgtgctg 2160
ggcacagtca gcccttccc ccccaaagca ggaggtggcc ctctccctat ggctgtcctt 2220
ctctgatcac actgtggccc cagctgagct ctacgaccgc cgtgacctgg gactgtccgt 2280
ctcagccgag gagcctggtg ccctcctgcc agctgaggag cagggtgccc agctcggggt 2340
ggtggtgagt ggggcaggcg ccgaggggt gccgctgcat gtggctctgc accgcccga 2400
gccctgccgc cggggccgcc accgtgtgcc tctggcctct ggcaccgcct ggctggggct 2460
gccccctgcc tccactccag ccctgtctt cccatccagc cctgcttga gccaccagc 2520
cacagaagcc accatgggtg gtaaaccgca ggtggcaggc agtgtcgggg gcaacacagg 2580

tgtgaggggc aagtttgagc gggcagagga ggaggccagg aaggaggaga ccgaagccag 2640
 ggaggaggag gaggaagagg aggaggagat ggtccctgcc cctcagcatg tcaactgagct 2700
 agagctgggc atgtacgcc tgctgggagt cttctgcgtg gccatcttca tcttcttggt 2760
 caatggtgtg gtcttcgtcc tgcgctatca gcgcaaagaa cctcccgaca gtgccactga 2820
 cccacactcc cccagcccc acaactgggt ctggctgggc actgaccagg aggaactgag 2880
 ccgccagctg gaccggcagt cccctggccc gcccaagggg gaggggagct gccctgtga 2940
 gagtggggga ggaggggagg cccctaccct ggcccctggc cctcctgggg gcaccaccag 3000
 ctctcaagc accctggccc gaaaggaggc tggggggcgg cggaagcgag tagagtttgt 3060
 gacatttgtg ccagcccctc cagcccagtc acctgaggag cctgtagggg cccctgtgtg 3120
 gcagtccatc cttgtggcag gcgaggagga catccgctgg gtgtgtgagg acatggggct 3180
 gaaggaccct gaggagcttc gcaactacat ggagaggatc cggggcagct cctgaccctc 3240
 cacagccacc tggtcagcca ccagctgggg caacgagggt ggagggtcca ctgagcctct 3300
 cgcctgcccc cgccactcgt ctgggtgcttg ttgatccaag tcccctgcct ggtccccccac 3360
 aaggactccc atccaggccc cctctgccct gcccttgctc atggaccatg gtcgtgagga 3420
 agggctcatg ccccttattt atgggaacca tctcattcta acagaataaa ccgagaagga 3480
 aaccagaaaa aaaaaaaaaa aaaaa 3505

<210> 20

<211> 1023

<212> PRT

<213> Human

<400> 20

Met Cys Ala Arg Met Ala Gly Arg Thr Thr Ala Ala Pro Arg Gly Pro

5

10

15

Tyr Gly Pro Trp Leu Cys Leu Leu Val Ala Leu Ala Leu Asp Val Val

20

25

30

Arg Val Asp Cys Gly Gln Ala Pro Leu Asp Pro Val Tyr Leu Pro Ala

35

40

45

Ala Leu Glu Leu Leu Asp Ala Pro Glu His Phe Arg Val Gln Gln Val

50 55 60
Gly His Tyr Pro Pro Ala Asn Ser Ser Leu Ser Ser Arg Ser Glu Thr
65 70 75 80
Phe Leu Leu Leu Gln Pro Trp Pro Arg Ala Gln Pro Leu Leu Arg Ala
85 90 95
Ser Tyr Pro Pro Phe Ala Thr Gln Gln Val Val Pro Pro Arg Val Thr
100 105 110
Glu Pro His Gln Arg Pro Val Pro Trp Asp Val Arg Ala Val Ser Val
115 120 125
Glu Ala Ala Val Thr Pro Ala Glu Pro Tyr Ala Arg Val Leu Phe His
130 135 140
Leu Lys Gly Gln Asp Trp Pro Pro Gly Ser Gly Ser Leu Pro Cys Ala
145 150 155 160
Arg Leu His Ala Thr His Pro Ala Gly Thr Ala His Gln Ala Cys Arg
165 170 175
Phe Gln Pro Ser Leu Gly Ala Cys Val Val Glu Leu Glu Leu Pro Ser
180 185 190
His Trp Phe Ser Gln Ala Ser Thr Thr Arg Ala Glu Leu Ala Tyr Thr
195 200 205
Leu Glu Pro Ala Ala Glu Gly Pro Gly Gly Cys Gly Ser Gly Glu Glu
210 215 220
Asn Asp Pro Gly Glu Gln Ala Leu Pro Val Gly Gly Val Glu Leu Arg
225 230 235 240
Pro Ala Asp Pro Pro Gln Tyr Gln Glu Val Pro Leu Asp Glu Ala Val
245 250 255
Thr Leu Arg Val Pro Asp Met Pro Val Arg Pro Gly Gln Leu Phe Ser
260 265 270
Ala Thr Leu Leu Leu Gln His Asn Phe Thr Ala Ser Leu Leu Thr Leu
275 280 285

Arg Ile Lys Val Lys Lys Gly Leu His Val Thr Ala Ala Arg Pro Ala
 290 295 300
 Gln Pro Thr Leu Trp Thr Ala Lys Leu Asp Arg Phe Lys Gly Ser Arg
 305 310 315 320
 His His Thr Thr Leu Ile Thr Cys His Arg Ala Gly Leu Thr Glu Pro
 325 330 335
 Asp Ser Ser Pro Leu Glu Leu Ser Glu Phe Leu Trp Val Asp Phe Val
 340 345 350
 Val Glu Asn Ser Thr Gly Gly Gly Val Ala Val Thr Arg Pro Val Thr
 355 360 365
 Trp Gln Leu Glu Tyr Pro Gly Gln Ala Pro Glu Ala Glu Lys Asp Lys
 370 375 380
 Met Val Trp Glu Ile Leu Val Ser Glu Arg Asp Ile Arg Ala Leu Ile
 385 390 395 400
 Pro Leu Ala Lys Ala Glu Glu Leu Val Asn Thr Ala Pro Leu Thr Gly
 405 410 415
 Val Pro Gln His Val Pro Val Arg Leu Val Thr Val Asp Gly Gly Gly
 420 425 430
 Ala Leu Val Glu Val Thr Glu His Val Gly Cys Glu Ser Ala Asn Thr
 435 440 445
 Gln Val Leu Gln Val Ser Glu Ala Cys Asp Ala Val Phe Val Ala Gly
 450 455 460
 Lys Glu Ser Arg Gly Ala Arg Gly Val Arg Val Asp Phe Trp Trp Arg
 465 470 475 480
 Arg Leu Arg Ala Ser Leu Arg Leu Thr Val Trp Ala Pro Leu Leu Pro
 485 490 495
 Leu Arg Ile Glu Leu Thr Asp Thr Thr Leu Glu Gln Val Arg Gly Trp
 500 505 510
 Arg Val Pro Gly Pro Ala Glu Gly Pro Ala Glu Pro Ala Ala Glu Ala

出証特 2 0 0 3 - 3 0 7 9 2 8 6

His Arg Val Pro Leu Ala Ser Gly Thr Ala Trp Leu Gly Leu Pro Pro
 755 760 765
 Ala Ser Thr Pro Ala Pro Ala Leu Pro Ser Ser Pro Ala Trp Ser Pro
 770 775 780
 Pro Ala Thr Glu Ala Thr Met Gly Gly Lys Arg Gln Val Ala Gly Ser
 785 790 795 800
 Val Gly Gly Asn Thr Gly Val Arg Gly Lys Phe Glu Arg Ala Glu Glu
 805 810 815
 Glu Ala Arg Lys Glu Glu Thr Lys Pro Arg Glu Glu Glu Glu Glu
 820 825 830
 Glu Glu Glu Met Val Pro Ala Pro Gln His Val Thr Glu Leu Glu Leu
 835 840 845
 Gly Met Tyr Ala Leu Leu Gly Val Phe Cys Val Ala Ile Phe Ile Phe
 850 855 860
 Leu Val Asn Gly Val Val Phe Val Leu Arg Tyr Gln Arg Lys Glu Pro
 865 870 875 880
 Pro Asp Ser Ala Thr Asp Pro Thr Ser Pro Gln Pro His Asn Trp Val
 885 890 895
 Trp Leu Gly Thr Asp Gln Glu Glu Leu Ser Arg Gln Leu Asp Arg Gln
 900 905 910
 Ser Pro Gly Pro Pro Lys Gly Glu Gly Ser Cys Pro Cys Glu Ser Gly
 915 920 925
 Gly Gly Gly Glu Ala Pro Thr Leu Ala Pro Gly Pro Pro Gly Gly Thr
 930 935 940
 Thr Ser Ser Ser Ser Thr Leu Ala Arg Lys Glu Ala Gly Gly Arg Arg
 945 950 955 960
 Lys Arg Val Glu Phe Val Thr Phe Ala Pro Ala Pro Pro Ala Gln Ser
 965 970 975
 Pro Glu Glu Pro Val Gly Ala Pro Ala Val Gln Ser Ile Leu Val Ala

980 985 990
 Gly Glu Glu Asp Ile Arg Trp Val Cys Glu Asp Met Gly Leu Lys Asp
 995 1000 1005
 Pro Glu Glu Leu Arg Asn Tyr Met Glu Arg Ile Arg Gly Ser Ser
 1010 1015 1020

<210> 21

<211> 3069

<212> DNA

<213> Human

<400> 21

atgtgcgcgc ggatggccgg tcgcacaaca gcggcccctc gggggcccta cggcccctgg 60
 ctctgcctcc tgggtggcct cgccctggac gtcgtgagag tggactgtgg ccaggctccc 120
 ctggaccctg tctacctgcc ggcagccctg gagctcctag acgcccctga acacttccgt 180
 gtgcagcagg tggggcacta cccacctgcc aactcctctc tgagctcccg atctgagacc 240
 tttctgctcc tacagccctg gccaggggcc cagccacttc tccgggcctc ctaccacact 300
 tttgccactc agcaggtggt cccccctcga gtcactgagc cccaccaacg gccagtccca 360
 tgggacgtgc gggccgtttc agtgggaagcg gctgtgactc cagcagagcc ctacgcccgg 420
 gttctcttcc acctcaaagg gcaggattgg ccaccagggt ctggcagcct gccctgtgcc 480
 cggctccatg ccacacaccc tgcaggcact gctcaccaag cctgccgctt ccagccatcc 540
 ctggggcgct gcgtggtgga gctggagctt ccctcgcaact ggttctcaca ggcctccacc 600
 acacggggcg agctggccta cagccttgag cctgcagctg agggccctgg gggctgtggc 660
 tccggcgagg agaacgaccc tggggagcag gccctcccag tgggggggtgt ggagctgcgc 720
 ccagcagacc ccccgagta ccaggaggta cctctggacg aggctgtgac tctgcgggtg 780
 cctgacatgc cagtgcggcc cggccagctc tttagtgtca cctcctgtct tcagcacaac 840
 ttcacagcca gcctcctgac cctgcggatc aaggtgaaga aggggctgca tgtgacagcc 900
 gcccgcccag cccagcccac actctggact gccaaagctag accgcttcaa gggctccagg 960
 caccacacca ccctcatcac ctgccaccgt gctgggctca cagagccaga ttccagtccc 1020
 cttgaactgt ctgagttcct atgggtggac tttgtggtgg agaatagcac tgggtgggggc 1080

gtagcgggtca ctcgccccgt cacgtggcag ctggagtacc caggccaggc ccctgaagca 1140
gagaaggaca aaatgggtgtg ggaaatcctg gtgtctgagc gggacatcag agcccttatc 1200
ccactggcca aggctgagga gctggtgaat acagcaccac tgactggagt gccccagcat 1260
gtccccgtgc gccttgtcac tgtggacggc gggggggcct tgggtggaggt gacagagcat 1320
gtcggctgcg agtctgcca cacacaggtc ctgcaggtgt ctgaggcctg tgatgccgtg 1380
ttcgtggctg gcaaggagag ccggggcgcc cgggggggtgc gagtggactt ctggtggcgc 1440
cggctccgcg cctcgtgcg gctgaccgtg tgggcccccc tgctaccgct gcgtatcgag 1500
ctcaccgaca ccaccctcga gcaggtccgc ggctggaggg tacctggccc tgctgaaggg 1560
cctgcggaac ccgctgcaga ggcgtcgat gaggccgagc ggcgcgcccg tggctgccac 1620
ctgcagtacc agcggggccgg tgtgcgcttc ctcgccccct tcgcgccca cccgctggac 1680
ggcggccgcc gcctcacgca cctgcttggc cccgactggc tgctagacgt gtcccacctc 1740
gtggcgccac acgcccgcgt gctggactcg cgtgtagcct ctctggaggg tggccgtgtc 1800
gtggtgggcc gggagcccgg tgtcacctcc attgaggtgc gttccccact gtctgactcc 1860
atcctggggg agcaggcgct ggctgtgacg gacgacaagg tctcagtgtt ggagctgagg 1920
gtgcagccag tgatgggcat ctcgtgacc ttgagccggg gcaactgcca ccccggggag 1980
gtcacagcta cgtgctgggc acagtcagcc cttcccgcc caaagcagga ggtggccctc 2040
tccctatggc tgtccttctc tgatcacact gtggccccag ctgagctcta cgaccgccgt 2100
gacctgggac tgtccgtctc agccgaggag cctggtgcca tcctgccagc tgaggagcag 2160
ggtgcccagc tcgggggtggt ggtgagtggg gcaggcgccg aggggctgcc gctgcatgtg 2220
gctctgcacc cgcccagacc ctgccgccgg ggccgccacc gtgtgcctct ggccctctggc 2280
accgcctggc tggggctgcc ccctgcctcc actccagccc ctgctctccc atccagccct 2340
gcttggagcc caccagccac agaagccacc atgggtggta aacggcaggt ggcaggcagt 2400
gtcgggggca acacaggtgt gaggggcaag tttgagcggg cagaggagga ggccaggaag 2460
gaggagacca aaccagggga ggaggaggag gaagaggagg aggagatggt ccctgcccct 2520
cagcatgtca ctgagctaga gctgggcatg tacgccctgc tgggagtctt ctgctggcc 2580
atcttcatct tcttgggtcaa tgggtgtggtc ttcgtcctgc gctatcagcg caaagaacct 2640
cccagactg ccaactgacc cacctcccc cagccccaca actgggtctg gctgggcact 2700
gaccaggagg aactgagccg ccagctggac cggcagtcct ctggcccccc caagggggag 2760
gggagctgcc cctgtgagag tgggggagga ggggaggccc ctaccctggc ccctggccct 2820

cctgggggca ccaccagctc ctcaagcacc ctggcccgaaggaggctgg ggggcggcgg 2880
aagcgagtag agtttgtgac atttgcgcca gccctccag ccagtcacc tgaggagcct 2940
gtaggggccc ctgctgtgca gtccatcctt gtggcaggcg aggaggacat ccgctgggtg 3000
tgtgaggaca tggggctgaa ggaccctgag gagcttcgca actacatgga gaggatccgg 3060
ggcagctcc 3069

<210> 22

<211> 1019

<212> PRT

<213> Human

<400> 22

Met Ala Gly Arg Thr Thr Ala Ala Pro Arg Gly Pro Tyr Gly Pro Trp
5 10 15
Leu Cys Leu Leu Val Ala Leu Ala Leu Asp Val Val Arg Val Asp Cys
20 25 30
Gly Gln Ala Pro Leu Asp Pro Val Tyr Leu Pro Ala Ala Leu Glu Leu
35 40 45
Leu Asp Ala Pro Glu His Phe Arg Val Gln Gln Val Gly His Tyr Pro
50 55 60
Pro Ala Asn Ser Ser Leu Ser Ser Arg Ser Glu Thr Phe Leu Leu Leu
65 70 75 80
Gln Pro Trp Pro Arg Ala Gln Pro Leu Leu Arg Ala Ser Tyr Pro Pro
85 90 95
Phe Ala Thr Gln Gln Val Val Pro Pro Arg Val Thr Glu Pro His Gln
100 105 110
Arg Pro Val Pro Trp Asp Val Arg Ala Val Ser Val Glu Ala Ala Val
115 120 125
Thr Pro Ala Glu Pro Tyr Ala Arg Val Leu Phe His Leu Lys Gly Gln
130 135 140

Asp Trp Pro Pro Gly Ser Gly Ser Leu Pro Cys Ala Arg Leu His Ala
145 150 155 160
Thr His Pro Ala Gly Thr Ala His Gln Ala Cys Arg Phe Gln Pro Ser
165 170 175
Leu Gly Ala Cys Val Val Glu Leu Glu Leu Pro Ser His Trp Phe Ser
180 185 190
Gln Ala Ser Thr Thr Arg Ala Glu Leu Ala Tyr Thr Leu Glu Pro Ala
195 200 205
Ala Glu Gly Pro Gly Gly Cys Gly Ser Gly Glu Glu Asn Asp Pro Gly
210 215 220
Glu Gln Ala Leu Pro Val Gly Gly Val Glu Leu Arg Pro Ala Asp Pro
225 230 235 240
Pro Gln Tyr Gln Glu Val Pro Leu Asp Glu Ala Val Thr Leu Arg Val
245 250 255
Pro Asp Met Pro Val Arg Pro Gly Gln Leu Phe Ser Ala Thr Leu Leu
260 265 270
Leu Gln His Asn Phe Thr Ala Ser Leu Leu Thr Leu Arg Ile Lys Val
275 280 285
Lys Lys Gly Leu His Val Thr Ala Ala Arg Pro Ala Gln Pro Thr Leu
290 295 300
Trp Thr Ala Lys Leu Asp Arg Phe Lys Gly Ser Arg His His Thr Thr
305 310 315 320
Leu Ile Thr Cys His Arg Ala Gly Leu Thr Glu Pro Asp Ser Ser Pro
325 330 335
Leu Glu Leu Ser Glu Phe Leu Trp Val Asp Phe Val Val Glu Asn Ser
340 345 350
Thr Gly Gly Gly Val Ala Val Thr Arg Pro Val Thr Trp Gln Leu Glu
355 360 365
Tyr Pro Gly Gln Ala Pro Glu Ala Glu Lys Asp Lys Met Val Trp Glu

370	375	380
Ile Leu Val Ser Glu Arg Asp Ile Arg Ala Leu Ile Pro Leu Ala Lys		
385	390	395
Ala Glu Glu Leu Val Asn Thr Ala Pro Leu Thr Gly Val Pro Gln His		400
405	410	415
Val Pro Val Arg Leu Val Thr Val Asp Gly Gly Gly Ala Leu Val Glu		
420	425	430
Val Thr Glu His Val Gly Cys Glu Ser Ala Asn Thr Gln Val Leu Gln		
435	440	445
Val Ser Glu Ala Cys Asp Ala Val Phe Val Ala Gly Lys Glu Ser Arg		
450	455	460
Gly Ala Arg Gly Val Arg Val Asp Phe Trp Trp Arg Arg Leu Arg Ala		
465	470	475
Ser Leu Arg Leu Thr Val Trp Ala Pro Leu Leu Pro Leu Arg Ile Glu		
485	490	495
Leu Thr Asp Thr Thr Leu Glu Gln Val Arg Gly Trp Arg Val Pro Gly		
500	505	510
Pro Ala Glu Gly Pro Ala Glu Pro Ala Ala Glu Ala Ser Asp Glu Ala		
515	520	525
Glu Arg Arg Ala Arg Gly Cys His Leu Gln Tyr Gln Arg Ala Gly Val		
530	535	540
Arg Phe Leu Ala Pro Phe Ala Ala His Pro Leu Asp Gly Gly Arg Arg		
545	550	555
Leu Thr His Leu Leu Gly Pro Asp Trp Leu Leu Asp Val Ser His Leu		560
565	570	575
Val Ala Pro His Ala Arg Val Leu Asp Ser Arg Val Ala Ser Leu Glu		
580	585	590
Gly Gly Arg Val Val Val Gly Arg Glu Pro Gly Val Thr Ser Ile Glu		
595	600	605

Val Arg Ser Pro Leu Ser Asp Ser Ile Leu Gly Glu Gln Ala Leu Ala
610 615 620

Val Thr Asp Asp Lys Val Ser Val Leu Glu Leu Arg Val Gln Pro Val
625 630 635 640

Met Gly Ile Ser Leu Thr Leu Ser Arg Gly Thr Ala His Pro Gly Glu
645 650 655

Val Thr Ala Thr Cys Trp Ala Gln Ser Ala Leu Pro Ala Pro Lys Gln
660 665 670

Glu Val Ala Leu Ser Leu Trp Leu Ser Phe Ser Asp His Thr Val Ala
675 680 685

Pro Ala Glu Leu Tyr Asp Arg Arg Asp Leu Gly Leu Ser Val Ser Ala
690 695 700

Glu Glu Pro Gly Ala Ile Leu Pro Ala Glu Glu Gln Gly Ala Gln Leu
705 710 715 720

Gly Val Val Val Ser Gly Ala Gly Ala Glu Gly Leu Pro Leu His Val
725 730 735

Ala Leu His Pro Pro Glu Pro Cys Arg Arg Gly Arg His Arg Val Pro
740 745 750

Leu Ala Ser Gly Thr Ala Trp Leu Gly Leu Pro Pro Ala Ser Thr Pro
755 760 765

Ala Pro Ala Leu Pro Ser Ser Pro Ala Trp Ser Pro Pro Ala Thr Glu
770 775 780

Ala Thr Met Gly Gly Lys Arg Gln Val Ala Gly Ser Val Gly Gly Asn
785 790 795 800

Thr Gly Val Arg Gly Lys Phe Glu Arg Ala Glu Glu Glu Ala Arg Lys
805 810 815

Glu Glu Thr Lys Pro Arg Glu Glu Glu Glu Glu Glu Glu Glu Met
820 825 830

Val Pro Ala Pro Gln His Val Thr Glu Leu Glu Leu Gly Met Tyr Ala

835 840 845
Leu Leu Gly Val Phe Cys Val Ala Ile Phe Ile Phe Leu Val Asn Gly
850 855 860
Val Val Phe Val Leu Arg Tyr Gln Arg Lys Glu Pro Pro Asp Ser Ala
865 870 875 880
Thr Asp Pro Thr Ser Pro Gln Pro His Asn Trp Val Trp Leu Gly Thr
885 890 895
Asp Gln Glu Glu Leu Ser Arg Gln Leu Asp Arg Gln Ser Pro Gly Pro
900 905 910
Pro Lys Gly Glu Gly Ser Cys Pro Cys Glu Ser Gly Gly Gly Gly Glu
915 920 925
Ala Pro Thr Leu Ala Pro Gly Pro Pro Gly Gly Thr Thr Ser Ser Ser
930 935 940
Ser Thr Leu Ala Arg Lys Glu Ala Gly Gly Arg Arg Lys Arg Val Glu
945 950 955 960
Phe Val Thr Phe Ala Pro Ala Pro Pro Ala Gln Ser Pro Glu Glu Pro
965 970 975
Val Gly Ala Pro Ala Val Gln Ser Ile Leu Val Ala Gly Glu Glu Asp
980 985 990
Ile Arg Trp Val Cys Glu Asp Met Gly Leu Lys Asp Pro Glu Glu Leu
995 1000 1005
Arg Asn Tyr Met Glu Arg Ile Arg Gly Ser Ser
1010 1015

<210> 23

<211> 3057

<212> DNA

<213> Human

<400> 23

atggccgggtc gcacaacagc ggccccctcgg gggccctacg gcccctggct ctgcctcctg 60
gtggccctcg ccctggacgt cgtgagagtg gactgtggcc aggtccccct ggaccctgtc 120
tacctgccgg cagccctgga gctcctagac gcccctgaac acttccgtgt gcagcaggtg 180
ggccactacc cacctgccaa ctctctctg agctcccgat ctgagacctt tctgtctcta 240
cagccctggc ccagggccca gccacttctc cgggcctcct acccaccttt tgccactcag 300
caggtggtcc cccctcgagt cactgagccc caccaacggc cagtcccatg ggacgtgcgg 360
gccgtttcag tggaagcggc tgtgactcca gcagagccct acgcccgggt tctcttccac 420
ctcaaagggc aggattggcc accaggggtct ggcagcctgc cctgtgcccg gctccatgcc 480
acacaccctg caggcactgc tcaccaagcc tgccgcttcc agccatccct gggcgcctgc 540
gtggtggagc tggagcttcc ctgcactgg ttctcacagg cctccaccac acgggccgag 600
ctggcctaca cgcttgagcc tgcagctgag ggccctgggg gctgtggctc cggcgaggag 660
aacgaccctg gggagcaggc cctcccagtg gggggtgtgg agctgcgccc agcagacccc 720
ccgcagtacc aggaggtacc tctggacgag gctgtgactc tgcgggtgcc tgacatgcca 780
gtgcggcccc gccagctctt tagtgctacc ctctgcttc agcacaactt cacagccagc 840
ctcctgaccc tgcggatcaa ggtgaagaag gggctgcatg tgacagccgc ccgcccagcc 900
cagcccacac tctggactgc caagctagac cgcttcaagg gctccaggca ccacaccacc 960
ctcatcacct gccaccgtgc tgggctcaca gagccagatt ccagtcccct tgaactgtct 1020
gagttcctat ggggtgactt tgtggtggag aatagcactg gtgggggcgt agcggtcact 1080
cgccccgtca cgtggcagct ggagtaccca ggccaggccc ctgaagcaga gaaggacaaa 1140
atggtgtggg aaatcctggt gtctgagcgg gacatcagag cccttatccc actggccaag 1200
gctgaggagc tggatgaatac agcaccactg actggagtgc cccagcatgt ccccgctgcgc 1260
cttgtcactg tggacggcgg gggggccttg gtggaggtga cagagcatgt cggctgcgag 1320
tctgccaaca cacaggctct gcaggtgtct gaggcctgtg atgccgtgtt cgtggctggc 1380
aaggagagcc ggggcgcccc gggggtgcga gtggacttct ggtggcgccg gctccgcgcc 1440
tcgctgcggc tgaccgtgtg ggccccctg ctaccgtgc gtatcgagct caccgacacc 1500
accctcgagc aggtccgcgg ctggagggtta cctggccctg ctgaagggcc tgcggaaccc 1560
gctgcagagg cgtcgatga ggccgagcgg cgcgcccggt gctgccacct gcagtaccag 1620
cgggccggtg tgcgcttctt cgccccctt cggggccacc cgctggacgg cggccgcccgc 1680
ctcacgcacc tgcttggccc cgactggctg ctagacgtgt cccacctcgt ggcgccacac 1740

gcccgcgtgc tggactcgcg ttagcctct ctggagggtg gccgtgtcgt ggtgggcccgg 1800
gagcccgggtg tcacctccat tgagggtcgt tccccactgt ctgactccat cctggggggag 1860
caggcgctgg ctgtgacgga cgacaaggctc tcagtgtctgg agctgagggt gcagccagtg 1920
atgggcatct cgctgacctt gagccggggc actgcccacc ccggggagggt cacagctacg 1980
tgctgggcac agtcagccct tcccgcccca aagcaggagg tggccctctc cctatggctg 2040
tccttctctg atcacactgt ggccccagct gagctctacg accgccgtga cctgggactg 2100
tccgtctcag ccgaggagcc tggtgccatc ctgccagtgt aggagcaggg tgcccagctc 2160
gggggtggtg tgagtggggc aggcgccgag gggctgccgc tgcatgtggc tctgcacccg 2220
cccagaccct gccgccgggg ccgccaccgt gtgcctctgg cctctggcac cgcctggctg 2280
gggctgcccc ctgcctccac tccagcccct gctctcccat ccagccctgc ttggagccca 2340
ccagccacag aagccaccat ggggtggtaaa cggcagggtg caggcagtgt cgggggcaac 2400
acagggtgtga ggggcaagtt tgagcgggca gaggaggagg ccaggaagga ggagacaaaa 2460
cccaggaggagg aggaggagga agaggaggag gagatgggtcc ctgcccctca gcatgtcact 2520
gagctagagc tgggcatgta cgccctgctg ggagtcttct gcgtggccat cttcatcttc 2580
ttggtcaatg gtgtggtctt cgtcctgcgc tatcagcgca aagaacctcc cgacagtgcc 2640
actgaccca cctccccca gcccacaac tgggtctggc tgggactga ccaggaggaa 2700
ctgagccgcc agctggaccg gcagtcccct ggcccgccca agggggaggg gagctgcccc 2760
tgtgagagtg ggggaggagg ggaggcccct accctggccc ctggccctcc tgggggcacc 2820
accagctcct caagcaccct ggcccgaag gaggtctggg ggccggcgga gcgagtagag 2880
tttgtgacat ttgcgccagc ccctccagcc cagtcacctg aggagcctgt aggggcccct 2940
gctgtgcagt ccctccttgt ggcaggcgag gaggacatcc gctgggtgtg tgaggacatg 3000
gggctgaagg accctgagga gcttcgcaac tacatggaga ggatccgggg cagctcc 3057

<210> 24

<211> 3502

<212> DNA

<213> Human

<400> 24

attgtctggg aattgcagcc gcggggcggg cggcggcggc ggccggcgcc gccgggaccc 60

agcgggcccag gtggggacgg cgcggagcgg gtgcgggaga tgccgtgcgg gactggggcc 120
acctgagccg cccgcctcgt ccccgccctt tgtgggaagg atgtgcgcgc ggatggccgg 180
tcgcacaaca gcggccccctc gggggcccta cggcccctgg ctctgcctcc tgggtggcct 240
cgccctggac gtcgtgagag tggactgtgg ccaggctccc ctggaccctg tctacctgcc 300
ggcagccctg gagctcctag acgcccctga acacttccgt gtgcagcagg tggggcacta 360
cccacctgcc aactcctcic tgagctcccg atctgagacc tttctgctcc tacagccctg 420
gcccagggcc cagccacttc tccgggcctc ctaccacct tttgccactc agcaggtggt 480
ccccctcga gtcactgagc cccaccaacg gccagtccca tgggacgtgc gggccgtttc 540
agtgaagcg gctgtgactc cagcagagcc ctacgcccgg gttctcttcc acctcaaagg 600
gcaggattgg ccaccagggt ctggcagcct gccctgtgcc cggtccatg ccacacacc 660
tgcaggcact gctaccaag cctgccgctt ccagccatcc ctgggcgcct gcgtggtgga 720
gctggagctt ccctgcact ggttctcaca ggcctccacc acacgggccg agctggccta 780
cacgcttgag cctgcagctg agggccctgg gggctgtggc tccggcgagg agaacgacc 840
tggggagcag gccctcccag tggggggtgt ggagctgcgc ccagcagacc cccgcagta 900
ccaggaggta cctctggacg aggctgtgac tctgcgggtg cctgacatgc cagtgcggcc 960
cggccagctc tttagtgcta cctcctgct tcagcacaac ttcacagcca gcctcctgac 1020
cctgcggatc aaggtgaaga aggggctgca tgtgacagcc gcccgcccag ccagcccac 1080
actctggact gccaagctag accgcttcaa gggctccagg caccacacca ccctcatcac 1140
ctgccaccgt gctgggctca cagagccaga ttccagtccc cttgaactgt ctgagttcct 1200
atgggtggac tttgtggtgg agaatagcac tgggtggggc gtagcgggtca ctcgccccgt 1260
cacgtggcag ctggagtacc caggccaggc ccctgaagca gagaaggaca aaatggtgtg 1320
ggaaatcctg gtgtctgagc gggacatcag agcccttata cactggcca aggctgagga 1380
gctggtgaat acagcaccac tgactggagt gcccagcat gtccccgtgc gccttgtcac 1440
tgtggacggc gggggggcct tgggtggagg gacagagcat gtcggctgcg agtctgccaa 1500
cacacaggtc ctgcagggtg ctgaggcctg tgatgccgtg ttcgtggctg gcaaggagag 1560
ccggggcgcc cgggggggtgc gactggactt ctgggtggcg cggctccgcg cctcgctgcg 1620
gctgaccgtg tgggcccccc tgctaccgtc gcgtatcgag ctcaccgaca ccaccctcga 1680
gcaggctccgc ggctggaggg tacctggccc tgctgaaggg cctgcggaac ccgctgcaga 1740
ggcgtcggat gaggccgagc ggcgcgcccg tggctgccac ctgcagtacc agcgggccgg 1800

tgtgcgcttc ctcgccccct tcgcggccca cccgctggac ggcgcccgcc gcctcacgca 1860
cctgcttggc cccgactggc tgctagacgt gtcccacctc gtggcgccac acgcccgcgt 1920
gctggactcg cgtgtagcct ctctggaggg tggccgtgtc gtggtgggcc gggagcccgg 1980
tgtcacctcc attgaggtgc gttccccact gtctgactcc atcctggggg agcaggcgct 2040
ggctgtgacg gacgacaagg tctcagtgtc ggagctgagg gtgcagccag tgatgggcat 2100
ctcgctgacc ttgagccggg gcaactgcca ccccggggag gtcacagcta cgtgctgggc 2160
acagtacgcc cttcccgcgc caaagcagga ggtggccctc tccctatggc tgtccttctc 2220
tgatcacact gtggccccag ctgagctcta cgaccgccgt gacctgggac tgtccgtctc 2280
agccgaggag cctggtgcca tctgccagc tgaggagcag ggtgcccagc tcgggggtgt 2340
ggtgagtggg gcaggcgccg aggggctgcc gctgcatgtg gctctgcacc cgcccagacc 2400
ctgccgccgg ggccgccacc gtgtgcctct ggctctggc accgcctggc tggggctgcc 2460
ccctgcctcc actccagccc ctgctctccc atccagccct gcttggagcc caccagccac 2520
agaagccacc atgggtggta aacggcaggt ggcaggcagt gtcgggggca acacaggtgt 2580
gaggggcaag tttgagcggg cagaggagga ggccaggaag gaggagacca aaccagggga 2640
ggaggaggag gaagaggagg aggagatggt ccctgcccct cagcatgtca ctgagctaga 2700
gctgggcatg tacgccctgc tgggagtctt ctgcgtggcc atcttcatct tcttgggtcaa 2760
tgggtgtggtc ttcgtcctgc gctatcagcg caaagaacct cccgacagtg ccaactgacct 2820
cacctcccc cagccccaca actgggtctg gctgggcact gaccaggagg aactgagccg 2880
ccagctggac cggcagctcc ctggcccgc caagggggag gggagctgcc cctgtgagag 2940
tgggggagga ggggaggccc ctaccctggc ccctggccct cctgggggca ccaccagctc 3000
ctcaagcacc ctggcccgaaggaggctgg ggggcggcgg aagcgagtag agtttgtgac 3060
atttgcgcca gcccctccag cccagtcacc tgaggagcct gtaggggccc ctgctgtgca 3120
gtccatcctt gtggcaggcg aggaggacat ccgctgggtg tgtgaggaca tggggctgaa 3180
ggaccctgag gagcttcgca actacatgga gaggatccgg ggcagctcct gaccctccac 3240
agccacctgg tcagccacca gctggggcaa cgagggtgga ggtccactg agcctctcgc 3300
ctgccccgc cactcgtctg gtgcttgttg atccaagtcc cctgcctggt ccccccacaag 3360
gactcccatc caggccccct ctgccctgcc cttgtcatg gaccatggtc gtgaggaagg 3420
gctcatgccc cttatttatg ggaaccatct cattctaaca gaataaaccg agaaggaaac 3480
cagaaaaaaaa aaaaaaaaaa aa 3502

<210> 25

<211> 1023

<212> PRT

<213> Human

<400> 25

Met Cys Ala Arg Met Ala Gly Arg Thr Thr Ala Ala Pro Arg Gly Pro
5 10 15
Tyr Gly Pro Trp Leu Cys Leu Leu Val Ala Leu Ala Leu Asp Val Val
20 25 30
Arg Val Asp Cys Gly Gln Ala Pro Leu Asp Pro Val Tyr Leu Pro Ala
35 40 45
Ala Leu Glu Leu Leu Asp Ala Pro Glu His Phe Arg Val Gln Gln Val
50 55 60
Gly His Tyr Pro Pro Ala Asn Ser Ser Leu Ser Ser Arg Ser Glu Thr
65 70 75 80
Phe Leu Leu Leu Gln Pro Trp Pro Arg Ala Gln Pro Leu Leu Arg Ala
85 90 95
Ser Tyr Pro Pro Phe Ala Thr Gln Gln Val Val Pro Pro Arg Val Thr
100 105 110
Glu Pro His Gln Arg Pro Val Pro Trp Asp Val Arg Ala Val Ser Val
115 120 125
Glu Ala Ala Val Thr Pro Ala Glu Pro Tyr Ala Arg Val Leu Phe His
130 135 140
Leu Lys Gly Gln Asp Trp Pro Pro Gly Ser Gly Ser Leu Pro Cys Ala
145 150 155 160
Arg Leu His Ala Thr His Pro Ala Gly Thr Ala His Gln Ala Cys Arg
165 170 175
Phe Gln Pro Ser Leu Gly Ala Cys Val Val Glu Leu Glu Leu Pro Ser

180	185	190
His Trp Phe Ser Gln Ala Ser Thr Thr Arg Ala Glu Leu Ala Tyr Thr		
195	200	205
Leu Glu Pro Ala Ala Glu Gly Pro Gly Gly Cys Gly Ser Gly Glu Glu		
210	215	220
Asn Asp Pro Gly Glu Gln Ala Leu Pro Val Gly Gly Val Glu Leu Arg		
225	230	235
Pro Ala Asp Pro Pro Gln Tyr Gln Glu Val Pro Leu Asp Glu Ala Val		240
245	250	255
Thr Leu Arg Val Pro Asp Met Pro Val Arg Pro Gly Gln Leu Phe Ser		
260	265	270
Ala Thr Leu Leu Leu Arg His Asn Phe Thr Ala Ser Leu Leu Thr Leu		
275	280	285
Arg Ile Lys Val Lys Lys Gly Leu His Val Thr Ala Ala Arg Pro Ala		
290	295	300
Gln Pro Thr Leu Trp Thr Ala Lys Leu Asp Arg Phe Lys Gly Ser Arg		
305	310	315
His His Thr Thr Leu Ile Thr Cys His Arg Ala Gly Leu Thr Glu Pro		320
325	330	335
Asp Ser Ser Pro Leu Glu Leu Ser Glu Phe Leu Trp Val Asp Phe Val		
340	345	350
Val Glu Asn Ser Thr Gly Gly Gly Val Ala Val Thr Arg Pro Val Thr		
355	360	365
Trp Gln Leu Glu Tyr Pro Gly Gln Ala Pro Glu Ala Glu Lys Asp Lys		
370	375	380
Met Val Trp Glu Ile Leu Val Ser Glu Arg Asp Ile Arg Ala Leu Ile		
385	390	395
Pro Leu Ala Lys Ala Glu Glu Leu Val Asn Thr Ala Pro Leu Thr Gly		400
405	410	415

Val Pro Gln His Val Pro Val Arg Leu Val Thr Val Asp Gly Gly Gly
 420 425 430
 Ala Leu Val Glu Val Thr Glu His Val Gly Cys Glu Ser Ala Asn Thr
 435 440 445
 Gln Val Leu Gln Val Ser Glu Ala Cys Asp Ala Val Phe Val Ala Gly
 450 455 460
 Lys Glu Ser Arg Gly Ala Arg Gly Val Arg Val Asp Phe Trp Trp Arg
 465 470 475 480
 Arg Leu Arg Ala Ser Leu Arg Leu Thr Met Trp Ala Pro Leu Leu Pro
 485 490 495
 Leu Arg Ile Glu Leu Thr Asp Thr Thr Leu Glu Gln Val Arg Gly Trp
 500 505 510
 Arg Val Pro Gly Pro Ala Glu Gly Pro Ala Glu Pro Ala Ala Glu Ala
 515 520 525
 Ser Asp Glu Ala Glu Arg Arg Ala Arg Gly Cys His Leu Gln Tyr Gln
 530 535 540
 Arg Ala Gly Val Arg Phe Leu Ala Pro Phe Ala Ala His Pro Leu Asp
 545 550 555 560
 Gly Gly Arg Arg Leu Thr His Leu Leu Gly Pro Asp Trp Leu Leu Asp
 565 570 575
 Val Ser His Leu Val Ala Pro His Ala Arg Val Leu Asp Ser Arg Val
 580 585 590
 Ala Ser Leu Glu Gly Gly Arg Val Val Val Gly Arg Glu Pro Gly Val
 595 600 605
 Thr Ser Ile Glu Val Arg Ser Pro Leu Ser Asp Ser Ile Leu Gly Glu
 610 615 620
 Gln Ala Leu Ala Val Thr Asp Asp Lys Val Ser Val Leu Glu Leu Arg
 625 630 635 640
 Val Gln Pro Val Met Gly Ile Ser Leu Thr Leu Ser Arg Gly Thr Ala

645	650	655
His Pro Gly Glu Val Thr Ala Thr Cys Trp Ala Gln Ser Ala Leu Pro		
660	665	670
Ala Pro Lys Gln Glu Val Ala Leu Ser Leu Trp Leu Ser Phe Ser Asp		
675	680	685
His Thr Val Ala Pro Ala Glu Leu Tyr Asp Arg Arg Asp Leu Gly Leu		
690	695	700
Ser Val Ser Ala Glu Glu Pro Gly Ala Ile Leu Pro Ala Glu Glu Gln		
705	710	715
Gly Ala Gln Leu Gly Val Val Val Ser Gly Ala Gly Ala Glu Gly Leu		720
725	730	735
Pro Leu His Val Ala Leu His Pro Pro Glu Pro Cys Arg Arg Gly Arg		
740	745	750
His Arg Val Pro Leu Ala Ser Gly Thr Ala Trp Leu Gly Leu Pro Pro		
755	760	765
Ala Ser Thr Pro Ala Pro Ala Leu Pro Ser Ser Pro Ala Trp Ser Pro		
770	775	780
Pro Ala Thr Glu Ala Thr Met Gly Gly Lys Arg Gln Val Ala Gly Ser		
785	790	795
Val Gly Gly Asn Thr Gly Val Arg Gly Lys Phe Glu Arg Ala Glu Glu		800
805	810	815
Glu Ala Arg Lys Glu Glu Thr Lys Pro Arg Glu Glu Glu Glu Glu		
820	825	830
Glu Glu Glu Met Val Pro Ala Pro Gln His Val Thr Glu Leu Glu Leu		
835	840	845
Gly Met Tyr Ala Leu Leu Gly Val Phe Cys Val Ala Ile Phe Ile Phe		
850	855	860
Leu Val Asn Gly Val Val Phe Val Leu Arg Tyr Gln Arg Lys Glu Pro		
865	870	875
		880

Pro Asp Ser Ala Thr Asp Pro Thr Ser Pro Gln Pro His Asn Trp Val
885 890 895
Trp Leu Gly Thr Asp Gln Glu Glu Leu Ser Arg Gln Leu Asp Arg Gln
900 905 910
Ser Pro Gly Pro Pro Lys Gly Glu Gly Ser Cys Pro Cys Glu Ser Gly
915 920 925
Gly Gly Gly Glu Ala Pro Thr Leu Ala Pro Gly Pro Pro Gly Gly Thr
930 935 940
Thr Ser Ser Ser Ser Thr Leu Ala Arg Lys Glu Ala Gly Gly Arg Arg
945 950 955 960
Lys Arg Val Glu Phe Val Thr Phe Ala Pro Ala Pro Pro Ala Gln Ser
965 970 975
Pro Glu Glu Pro Val Gly Ala Pro Ala Val Gln Ser Ile Leu Val Ala
980 985 990
Gly Glu Glu Asp Ile Arg Trp Val Cys Glu Asp Met Gly Leu Lys Asp
995 1000 1005
Pro Glu Glu Leu Arg Asn Tyr Met Glu Arg Ile Arg Gly Ser Ser
1010 1015 1020

<210> 26

<211> 3069

<212> DNA

<213> Human

<400> 26

atgtgcgcgc ggatggccgg tcgcacaaca gcggcccctc gggggcccta cggcccctgg 60
ctctgcctcc tggatggcct cgccctggac gtcgtgagag tggactgtgg ccaggctccc 120
ctggaccctg tctacctgcc ggcagccctg gagctcctag acgcccctga acacttccgt 180
gtgcagcagg tggggcacta cccacctgcc aactcctctc tgagctcccg atctgagacc 240
tttctgctcc tacagccctg gccaggggcc cagccacttc tccgggcctc ctaccacct 300

tttgccactc agcaggtggt cccccctcga gtcactgagc cccaccaacg gccagtccca 360
tgggacgtgc gggccgtttc agtgggaagcg gctgtgactc cagcagagcc ctacgcccg 420
gttctcttcc acctcaaagg gcaggattgg ccaccagggt ctggcagcct gccctgtgcc 480
cggctccatg ccacacaccc tgccggcact gtcaccaag cctgccgctt ccagccatcc 540
ctgggcgctt gcgtgggtgga gctggagctt ccctcgact ggttctcaca ggcctccacc 600
acacgggccc agctggccta cacgcttgag cctgcagctg agggccctgg gggctgtggc 660
tccggcgagg agaacgaccc tggggagcag gccctcccag tgggggggtgt ggagctgcgc 720
ccagcagacc ccccgagta ccaggaggta cctctggacg aggctgtgac tctgcgggtg 780
cctgacatgc cagtgcggcc cggccagctc tttagtgtc cctcctgct tcggcacaac 840
ttcacagcca gcctcctgac cctgcggatc aaggtgaaga aggggctgca tgtgacagcc 900
gcccggccag cccagcccac actctggact gccaaagctgg accgcttcaa gggctccagg 960
caccacacca ccctcatcac ctgccaccgt gctgggctca cagagccaga ttccagtccc 1020
cttgaactgt ctgagttcct atgggtggac tttgtggtgg agaatagcac tgggtgggggc 1080
gtagcgggtca ctgccccgt cacgtggcag ctggagtacc caggccaggc ccctgaagca 1140
gagaaggaca aaatggtgtg ggaaatcctg gtgtctgagc gggacatcag agcccttacc 1200
ccactggcca aggctgagga gctggtgaat acagcaccac tgactggagt gcccagcat 1260
gtccccgtgc gcctgtcac tgtggacggc gggggggcct tgggtggaggt gacagagcat 1320
gtcggctgcg agtctgcca cacacaggtc ctgcaggtgt ctgaggcctg tgatgccgtg 1380
ttcgtggctg gcaaggagag ccggggcgcc cgggggggtgc gactggactt ctggtggcgc 1440
cggctccgcg cctcgctgcg gctgaccatg tgggcccccc tgctaccgt gcgtatcgag 1500
ctcaccgaca ccaccctcga gcaggtccgc ggctggaggg tacctggccc tgctgaagg 1560
cctgcggaac ccgctgcaga ggcgtcgat gaggccgagc ggcgcgccc tggctgccac 1620
ctgcagtacc agcgggcccgg tgtgcgttc ctcgccccct tcgcgccca cccgctggac 1680
ggcggccgcc gcctcacgca cctgcttggc cccgactggc tgctagacgt gtcccacctc 1740
gtggcgccac acgcccgt gctggactcg cgtgtagcct ctctggaggg tggccgtgtc 1800
gtggtgggcc gggagcccgg tgcacctcc attgaggtgc gttccccact gtctgactcc 1860
atcctggggg agcaggcgct ggctgtgacg gacgacaagg tctcagtgt ggagctgagg 1920
gtgcagccag tgatgggcat ctcgtgacc ttgagccggg gcaactgcca ccccggggag 1980
gtcacagcta cgtgctgggc acagtcagcc cttcccggc caaagcagga ggtggccctc 2040

tccctatggc tgtccttctc tgatcacact gtggccccag ctgagctcta cgaccgccgt 2100
 gacctgggac tgtccgtctc agccgaggag cctgggtgcca tcctgccagc tgaggagcag 2160
 ggtgcccagc tcggggtggt ggtgagtggg gcaggcgccg aggggctgcc gctgcatgtg 2220
 gctctgcacc cgcccgagcc ctgccgccgg ggccgccacc gtgtgcctct ggcctctggc 2280
 accgcctggc tggggctgcc ccctgcctcc actccagccc ctgctctccc atccagccct 2340
 gcttggagcc caccagccac agaagccacc atgggtggta aacggcaggt ggcaggcagt 2400
 gtcgggggca acacaggtgt gaggggcaag tttgagcggg cagaggagga ggccaggaag 2460
 gaggagacca aaccaggga ggaggaggag gaagaggagg aggagatggt ccctgcccct 2520
 cagcatgtca ctgagctaga gctgggcatg tacgccctgc tgggagtctt ctgcgtggcc 2580
 atcttcatct tcttgggtcaa tgggtgtggtc ttcgtcctgc gctatcagcg caaagaacct 2640
 cccgacagtg ccactgaccc cacctcccc cagccccaca actgggtctg gctgggcact 2700
 gaccaggagg aactgagccg ccagctggac cggcagtccc ctggcccgcc caagggggag 2760
 gggagctgcc cctgtgagag tgggggagga ggggaggccc ctaccctggc ccctggccct 2820
 cctgggggca ccaccagctc ctcaagcacc ctggcccgaa aggaggctgg ggggcggcgg 2880
 aagcgagtag agtttgtgac atttgcgcca gcccctccag cccagtcacc tgaggagcct 2940
 gtaggggccc ctgctgtgca gtccatcctt gtggcaggcg aggaggacat ccgctgggtg 3000
 tgtgaggaca tggggctgaa ggaccctgag gagcttcgca actacatgga gaggatccgg 3060
 ggcagctcc 3069

<210> 27

<211> 1019

<212> PRT

<213> Human

<400> 27

Met Ala Gly Arg Thr Thr Ala Ala Pro Arg Gly Pro Tyr Gly Pro Trp
 5 10 15
 Leu Cys Leu Leu Val Ala Leu Ala Leu Asp Val Val Arg Val Asp Cys
 20 25 30
 Gly Gln Ala Pro Leu Asp Pro Val Tyr Leu Pro Ala Ala Leu Glu Leu

35 40 45
Leu Asp Ala Pro Glu His Phe Arg Val Gln Gln Val Gly His Tyr Pro
50 55 60
Pro Ala Asn Ser Ser Leu Ser Ser Arg Ser Glu Thr Phe Leu Leu Leu
65 70 75 80
Gln Pro Trp Pro Arg Ala Gln Pro Leu Leu Arg Ala Ser Tyr Pro Pro
85 90 95
Phe Ala Thr Gln Gln Val Val Pro Pro Arg Val Thr Glu Pro His Gln
100 105 110
Arg Pro Val Pro Trp Asp Val Arg Ala Val Ser Val Glu Ala Ala Val
115 120 125
Thr Pro Ala Glu Pro Tyr Ala Arg Val Leu Phe His Leu Lys Gly Gln
130 135 140
Asp Trp Pro Pro Gly Ser Gly Ser Leu Pro Cys Ala Arg Leu His Ala
145 150 155 160
Thr His Pro Ala Gly Thr Ala His Gln Ala Cys Arg Phe Gln Pro Ser
165 170 175
Leu Gly Ala Cys Val Val Glu Leu Glu Leu Pro Ser His Trp Phe Ser
180 185 190
Gln Ala Ser Thr Thr Arg Ala Glu Leu Ala Tyr Thr Leu Glu Pro Ala
195 200 205
Ala Glu Gly Pro Gly Gly Cys Gly Ser Gly Glu Glu Asn Asp Pro Gly
210 215 220
Glu Gln Ala Leu Pro Val Gly Gly Val Glu Leu Arg Pro Ala Asp Pro
225 230 235 240
Pro Gln Tyr Gln Glu Val Pro Leu Asp Glu Ala Val Thr Leu Arg Val
245 250 255
Pro Asp Met Pro Val Arg Pro Gly Gln Leu Phe Ser Ala Thr Leu Leu
260 265 270

Leu Arg His Asn Phe Thr Ala Ser Leu Leu Thr Leu Arg Ile Lys Val
 275 280 285
 Lys Lys Gly Leu His Val Thr Ala Ala Arg Pro Ala Gln Pro Thr Leu
 290 295 300
 Trp Thr Ala Lys Leu Asp Arg Phe Lys Gly Ser Arg His His Thr Thr
 305 310 315 320
 Leu Ile Thr Cys His Arg Ala Gly Leu Thr Glu Pro Asp Ser Ser Pro
 325 330 335
 Leu Glu Leu Ser Glu Phe Leu Trp Val Asp Phe Val Val Glu Asn Ser
 340 345 350
 Thr Gly Gly Gly Val Ala Val Thr Arg Pro Val Thr Trp Gln Leu Glu
 355 360 365
 Tyr Pro Gly Gln Ala Pro Glu Ala Glu Lys Asp Lys Met Val Trp Glu
 370 375 380
 Ile Leu Val Ser Glu Arg Asp Ile Arg Ala Leu Ile Pro Leu Ala Lys
 385 390 395 400
 Ala Glu Glu Leu Val Asn Thr Ala Pro Leu Thr Gly Val Pro Gln His
 405 410 415
 Val Pro Val Arg Leu Val Thr Val Asp Gly Gly Gly Ala Leu Val Glu
 420 425 430
 Val Thr Glu His Val Gly Cys Glu Ser Ala Asn Thr Gln Val Leu Gln
 435 440 445
 Val Ser Glu Ala Cys Asp Ala Val Phe Val Ala Gly Lys Glu Ser Arg
 450 455 460
 Gly Ala Arg Gly Val Arg Val Asp Phe Trp Trp Arg Arg Leu Arg Ala
 465 470 475 480
 Ser Leu Arg Leu Thr Met Trp Ala Pro Leu Leu Pro Leu Arg Ile Glu
 485 490 495
 Leu Thr Asp Thr Thr Leu Glu Gln Val Arg Gly Trp Arg Val Pro Gly

500 505 510
Pro Ala Glu Gly Pro Ala Glu Pro Ala Ala Glu Ala Ser Asp Glu Ala
515 520 525
Glu Arg Arg Ala Arg Gly Cys His Leu Gln Tyr Gln Arg Ala Gly Val
530 535 540
Arg Phe Leu Ala Pro Phe Ala Ala His Pro Leu Asp Gly Gly Arg Arg
545 550 555 560
Leu Thr His Leu Leu Gly Pro Asp Trp Leu Leu Asp Val Ser His Leu
565 570 575
Val Ala Pro His Ala Arg Val Leu Asp Ser Arg Val Ala Ser Leu Glu
580 585 590
Gly Gly Arg Val Val Val Gly Arg Glu Pro Gly Val Thr Ser Ile Glu
595 600 605
Val Arg Ser Pro Leu Ser Asp Ser Ile Leu Gly Glu Gln Ala Leu Ala
610 615 620
Val Thr Asp Asp Lys Val Ser Val Leu Glu Leu Arg Val Gln Pro Val
625 630 635 640
Met Gly Ile Ser Leu Thr Leu Ser Arg Gly Thr Ala His Pro Gly Glu
645 650 655
Val Thr Ala Thr Cys Trp Ala Gln Ser Ala Leu Pro Ala Pro Lys Gln
660 665 670
Glu Val Ala Leu Ser Leu Trp Leu Ser Phe Ser Asp His Thr Val Ala
675 680 685
Pro Ala Glu Leu Tyr Asp Arg Arg Asp Leu Gly Leu Ser Val Ser Ala
690 695 700
Glu Glu Pro Gly Ala Ile Leu Pro Ala Glu Glu Gln Gly Ala Gln Leu
705 710 715 720
Gly Val Val Val Ser Gly Ala Gly Ala Glu Gly Leu Pro Leu His Val
725 730 735

Ala Leu His Pro Pro Glu Pro Cys Arg Arg Gly Arg His Arg Val Pro
740 745 750
Leu Ala Ser Gly Thr Ala Trp Leu Gly Leu Pro Pro Ala Ser Thr Pro
755 760 765
Ala Pro Ala Leu Pro Ser Ser Pro Ala Trp Ser Pro Pro Ala Thr Glu
770 775 780
Ala Thr Met Gly Gly Lys Arg Gln Val Ala Gly Ser Val Gly Gly Asn
785 790 795 800
Thr Gly Val Arg Gly Lys Phe Glu Arg Ala Glu Glu Glu Ala Arg Lys
805 810 815
Glu Glu Thr Lys Pro Arg Glu Glu Glu Glu Glu Glu Glu Glu Met
820 825 830
Val Pro Ala Pro Gln His Val Thr Glu Leu Glu Leu Gly Met Tyr Ala
835 840 845
Leu Leu Gly Val Phe Cys Val Ala Ile Phe Ile Phe Leu Val Asn Gly
850 855 860
Val Val Phe Val Leu Arg Tyr Gln Arg Lys Glu Pro Pro Asp Ser Ala
865 870 875 880
Thr Asp Pro Thr Ser Pro Gln Pro His Asn Trp Val Trp Leu Gly Thr
885 890 895
Asp Gln Glu Glu Leu Ser Arg Gln Leu Asp Arg Gln Ser Pro Gly Pro
900 905 910
Pro Lys Gly Glu Gly Ser Cys Pro Cys Glu Ser Gly Gly Gly Gly Glu
915 920 925
Ala Pro Thr Leu Ala Pro Gly Pro Pro Gly Gly Thr Thr Ser Ser Ser
930 935 940
Ser Thr Leu Ala Arg Lys Glu Ala Gly Gly Arg Arg Lys Arg Val Glu
945 950 955 960
Phe Val Thr Phe Ala Pro Ala Pro Pro Ala Gln Ser Pro Glu Glu Pro

965	970	975
Val Gly Ala Pro Ala Val Gln Ser Ile Leu Val Ala Gly Glu Glu Asp		
980	985	990
Ile Arg Trp Val Cys Glu Asp Met Gly Leu Lys Asp Pro Glu Glu Leu		
995	1000	1005
Arg Asn Tyr Met Glu Arg Ile Arg Gly Ser Ser		
1010	1015	

<210> 28

<211> 3057

<212> DNA

<213> Human

<400> 28

atggccggtc gcacaacagc ggcccctcgg gggccctacg gcccctggct ctgcctcctg	60
gtggccctcg ccctggacgt cgtgagagtg gactgtggcc aggctcccct ggaccctgtc	120
tacctgccgg cagccctgga gctcctagac gcccctgaac acttccgtgt gcagcaggtg	180
ggccactacc cacctgccaa ctctctcttg agtcccgat ctgagacctt tctgctccta	240
cagccctggc ccagggccca gccacttctc cgggcctcct acccaccttt tgccactcag	300
caggtgggtcc cccctcgagt cactgagccc caccaacggc cagtcccatg ggacgtgcgg	360
gccgtttcag tggaagcggc tgtgactcca gcagagccct acgcccgggt tctcttccac	420
ctcaaagggc aggattggcc accagggtct ggcagcctgc cctgtgcccg gctccatgcc	480
acacaccctg ccggcactgc tcaccaagcc tgccgcttcc agccatccct gggcgcctgc	540
gtggtggagc tggagcttcc ctgcactgg ttctcacagg cctccaccac acgggccgag	600
ctggcctaca cgcttgagcc tgcagctgag ggccctgggg gctgtggctc cggcgaggag	660
aacgaccctg gggagcaggc cctcccagtg ggggggtgtg agctgcgccc agcagacccc	720
ccgcagtacc aggaggtacc tctggacgag gctgtgactc tgccgggtgcc tgacatgcca	780
gtgcggcccg gccagctctt tagtgctacc ctctgcttc ggcacaactt cacagccagc	840
ctcctgaccc tgcggatcaa ggtgaagaag gggctgcatg tgacagccgc ccgcccagcc	900
cagcccacac tctggactgc caagctggac cgcttcaagg gctccaggca ccacaccacc	960

ctcatcacct gccaccgtgc tgggctcaca gagccagatt ccagtcccct tgaactgtct 1020
gagttcctat ggggtggactt tgttggtggag aatagcactg gtgggggcgt agcggtcact 1080
cgccccgtca cgtggcagct ggagtaccca ggccaggccc ctgaagcaga gaaggacaaa 1140
atgggtgtggg aaatcctggt gtctgagcgg gacatcagag cccttatccc actggccaag 1200
gctgaggagc tgggtgaatac agcaccactg actggagtgc cccagcatgt ccccggtgcgc 1260
cttgtcactg tggacggcgg gggggccttg gtggaggtga cagagcatgt cggctgcgag 1320
tctgccaaca cacaggctct gcagggtgtct gaggcctgtg atgccgtgtt cgtggctggc 1380
aaggagagcc ggggcgcccc gggggtgcga gtggacttct ggtggcgccg gctccgcgcc 1440
tcgctgcggc tgaccatgtg ggccccctg ctaccgctgc gtatcgagct caccgacacc 1500
accctcgagc aggtccgcgg ctggagggtg cctggccctg ctgaagggcc tgcggaaccc 1560
gctgcagagg cgtcggatga ggccgagcgg cgcgcccgtg gctgccacct gcagtaccag 1620
cgggccggtg tgcgtttcct cgccccctt gcggcccacc cgctggacgg cggccgccgc 1680
ctcacgcacc tgcttgcccc cgactggctg ctagacgtgt cccacctgt ggcgccacac 1740
gcccgcgtgc tggactcgcg tgtagcctct ctggagggtg gccgtgtcgt ggtgggccgg 1800
gagcccgtg tcacctccat tgagggtcgt tccccactgt ctgactccat cctgggggag 1860
caggcgctgg ctgtgacgga cgacaaggct tcagtgtctg agctgagggt gcagccagtg 1920
atgggcatct cgctgacctt gagccggggc actgcccacc ccggggagggt cacagctacg 1980
tgctgggcac agtcagccct tccgccccca aagcaggagg tggccctctc cctatggctg 2040
tccttctctg atcacactgt ggccccagct gagctctacg accgccgtga cctgggactg 2100
tccgtctcag ccgaggagcc tggtgccatc ctgccagctg aggagcaggg tgcccagctc 2160
ggggtggtgg tgagtggggc aggcgccgag gggctgccgc tgcattgtggc tctgcacccg 2220
cccagaccct gccgccgggg ccgccaccgt gtgcctctgg cctctggcac cgcctggctg 2280
gggctgcccc ctgcctccac tccagcccct gctctcccat ccagccctgc ttggagccca 2340
ccagccacag aagccaccat ggggtggtaaa cggcagggtg caggcagtgt cgggggcaac 2400
acaggtgtga ggggcaagtt tgagcgggca gaggaggagg ccaggaagga ggagacaaa 2460
cccaggaggagg aggaggagga agaggaggag gagatgggtc ctgccccca gcatgtcact 2520
gagctagagc tgggcatgta cgccctgctg ggagtcttct gcgtggccat ctcatcttc 2580
ttggtcaatg gtgtggtctt cgtcctgcgc tatcagcgca aagaacctcc cgacagtgcc 2640
actgaccca cctccccca gcccacaac tgggtctggc tgggcactga ccaggaggaa 2700

ctgagccgcc agctggaccg gcagtcccct gggccgcca agggggaggg gagctgcccc 2760
tgtgagagtg ggggaggagg ggaggcccct accctggccc ctggccctcc tgggggcacc 2820
accagctcct caagcacctt gggccgaaag gaggctgggg ggcggcgga gcgagtagag 2880
tttgtgacat ttgcgccagc ccctccagcc cagtcacctg aggagcctgt aggggcccct 2940
gctgtgcagt ccatccttgt ggcaggcgag gaggacatcc gctgggtgtg tgaggacatg 3000
gggctgaagg accctgagga gcttcgcaac tacatggaga ggatccgggg cagctcc 3057

<210> 29

<211> 3502

<212> DNA

<213> Human

<400> 29

attgtctggg aattgcagcc gcggggcggg cggcggcggc ggcggcgggc gccgggaccc 60
agcgggccag gtggggacgg cgcgagcgg gtgcgggaga tgccgtgcgg gactggggcc 120
acctgagccg cccgcctcgt cccgccttc tgtgggaagg atgtgcgcgc ggatggccgg 180
tcgcacaaca gcggcccctc gggggcccta cggcccctgg ctctgcctcc tgggtggcct 240
cgccctggac gtcgtgagag tggactgtgg ccaggctccc ctggaccctg tctacctgcc 300
ggcagccctg gagtccttag acgcccctga acacttcctg gtgcagcagg tgggccacta 360
cccacctgcc aactcctctc tgagctcccg atctgagacc tttctgctcc tacagccctg 420
gcccagggcc cagccacttc tccgggcctc ctaccacct tttgccactc agcaggtggt 480
ccccctcga gtcactgagc cccaccaacg gccagtcca tgggacgtgc gggccgtttc 540
agtggaagcg gctgtgactc cagcagagcc ctacgcccg gttctcttcc acctcaaagg 600
gcaggattgg ccaccaggtt ctggcagcct gccctgtgcc cggctccatg ccacacacc 660
tgccggcact gtcaccaag cctgccgctt ccagccatcc ctgggcgcct gcgtggtgga 720
gctggagctt ccctgcact ggttctcaca ggcctccacc acacgggccg agctggccta 780
cacgcttgag cctgcagctg agggccctgg gggctgtggc tccggcgagg agaacgaccc 840
tggggagcag gccctccag tgggggggtg ggagctgcgc ccagcagacc cccgcagta 900
ccaggaggta cctctggacg aggctgtgac tctgcgggtg cctgacatgc cagtgcggcc 960
cggccagctc tttagtgcta ccctcctgct tcggcacaac ttcacagcca gcctcctgac 1020

cctgcggatc aaggtgaaga aggggctgca tgtgacagcc gcccgcccag cccagcccac 1080
actctggact gccaaagctgg accgcttcaa gggctccagg caccacacca ccctcatcac 1140
ctgccaccgt gctgggctca cagagccaga ttccagtccc cttgaactgt ctgagttcct 1200
atgggtggac tttgtggtgg agaatagcac tgggtgggggc gtagcgggtca ctcgccccgt 1260
cacgtggcag ctggagtacc caggccaggc ccctgaagca gagaaggaca aaatggtgtg 1320
ggaaatcctg gtgtctgagc gggacatcag agcccttacc ccactggcca aggctgagga 1380
gctggtgaat acagcaccac tgactggagt gcccagcat gtccccgtgc gccttgtcac 1440
tgtggacggc gggggggcct tgggtggaggt gacagagcat gtcggctgcg agtctgccaa 1500
cacacaggtc ctgcaggtgt ctgaggcctg tgatgccgtg ttcgtggctg gcaaggagag 1560
ccggggcgcc cgggggggtgc gagtggactt ctggtggcgc cggctccgcg cctcgctgcg 1620
gctgaccatg tgggcccccc tgctaccgtc gcgtatcgag ctcaccgaca ccaccctcga 1680
gcaggtccgc ggctggaggg tacctggccc tgctgaaggg cctgcggaac ccgctgcaga 1740
ggcgtcggat gaggccgagc ggcgcgcccc tggctgccac ctgcagtacc agcgggcccgg 1800
tgtgcgcttc ctcgccccct tcgcggccca cccgctggac ggcggccgcc gcctcacgca 1860
cctgcttggc cccgactggc tgctagacgt gtcccacctc gtggcgccac acgcccgcgt 1920
gctggactcg cgtgtagcct ctctggaggg tggccgtgtc gtggtgggcc gggagcccgg 1980
tgtcacctcc attgaggtgc gttccccact gtctgactcc atcctggggg agcaggcgct 2040
ggctgtgacg gacgacaagg tctcagtgtt ggagctgagg gtgcagccag tgatgggcat 2100
ctcgctgacc ttgagccggg gcactgcca ccccggggag gtcacagcta cgtgctgggc 2160
acagtcagcc cttcccggcc caaagcagga ggtggccctc tccctatggc tgtccttctc 2220
tgatcacact gtggccccag ctgagctcta cgaccgccgt gacctgggac tgtccgtctc 2280
agccgaggag cctggtgcca tcctgccagc tgaggagcag ggtgcccagc tcggggtggt 2340
ggtgagtggg gcaggcgccg aggggctgcc gctgcatgtg gctctgcacc cgcccagacc 2400
ctgccgccgg ggccgccacc gtgtgcctct ggcctctggc accgcctggc tggggctgcc 2460
ccctgcctcc actccagccc ctgctctccc atccagccct gcttggagcc caccagccac 2520
agaagccacc atgggtggta aacggcaggt ggcaggcagt gtcgggggca acacaggtgt 2580
gaggggcaag tttgagcggg cagaggagga ggccaggaag gaggagacca aaccagggga 2640
ggaggaggag gaagaggagg aggagatggt ccctgccct cagcatgtca ctgagctaga 2700
gctgggcatg tacgccctgc tgggagtctt ctgcgtggcc atcttcatct tcttggtaaa 2760

tggtgtgggtc ttcgtcctgc gctatcagcg caaagaacct cccgacagtg ccactgaccc 2820
cacctcccc cagccccaca actgggtctg gctgggcact gaccaggagg aactgagccg 2880
ccagctggac cggcagtcct ctggcccgcc caagggggag gggagctgcc cctgtgagag 2940
tgggggagga ggggaggccc ctaccctggc ccctggccct cctgggggca ccaccagctc 3000
ctcaagcacc ctggcccgaa aggaggctgg ggggcggcgg aagcgagtag agtttgtgac 3060
atttgcgcca gcccctccag ccagtcacc tgaggagcct gtaggggccc ctgctgtgca 3120
gtccatcctt gtggcaggcg aggaggacat ccgctgggtg tgtgaggaca tggggctgaa 3180
ggaccctgag gagcttcgca actacatgga gaggatccgg ggcagctcct gaccctccac 3240
agccacctgg tcagccacca gctggggcaa cgagggtgga ggtcccactg agcctctcgc 3300
ctgccccgc cactcgtctg gtgcttggtg atccaagtcc cctgcctggt cccccacaag 3360
gactcccatc caggccccct ctgccctgcc ccttgtcatg gaccatggtc gtgaggaagg 3420
gtcatgccc cttatttatg ggaaccatct cattctaaca gaataaaccg agaaggaaac 3480
cagaaaaaaaa aaaaaaaaaa aa 3502

<210> 30

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<223> Primer

<400> 30

attgaggtgc gttccccact

20

<210> 31

<211> 22

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<223> Primer

<400> 31

ccactcacca ccaccccgag ct

22

<210> 32

<211> 24

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<223> Primer

<400> 32

tatgaattca tgtgcgcgcg gatg

24

<210> 33

<211> 29

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<223> Primer

<400> 33

tattatctag aggagctgcc ccggtcct

29

<210> 34

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<223> Primer

<400> 34

ccttctgtgg gaaggatgtg

20

<210> 35

<211> 22

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<223> Primer

<400> 35

tggctgtgga gggtcaggag ct

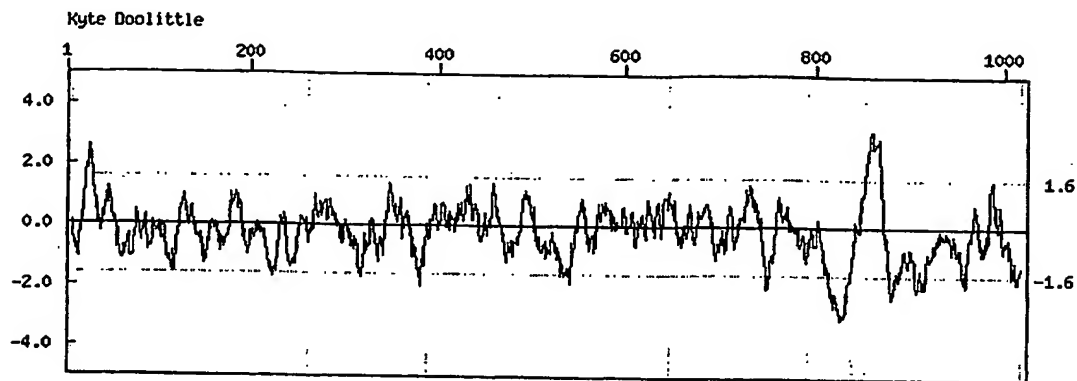
22

【図面の簡単な説明】

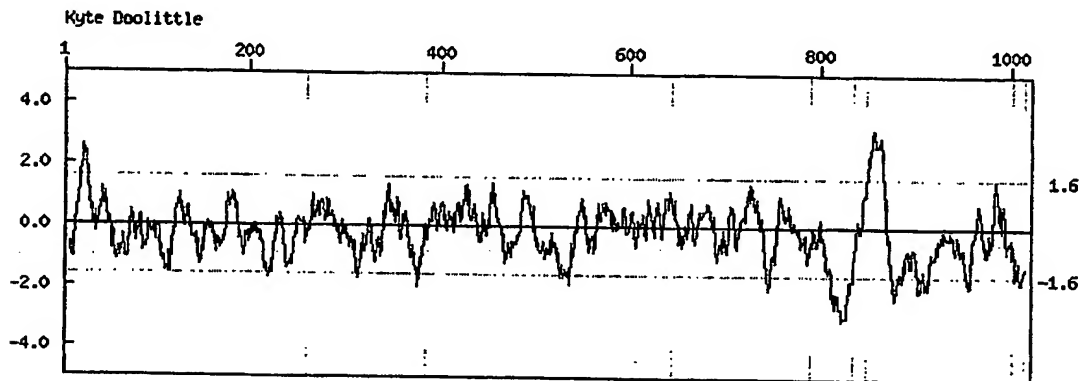
- 【図1】 TACT427-Aの疎水性プロットを表す図である。
- 【図2】 TACT427-A2の疎水性プロットを表す図である。
- 【図3】 TACT427-Bの疎水性プロットを表す図である。
- 【図4】 TACT427-2Bの疎水性プロットを表す図である。
- 【図5】 TACT427-Cの疎水性プロットを表す図である。
- 【図6】 TACT427-C2の疎水性プロットを表す図である。

【書類名】 図面

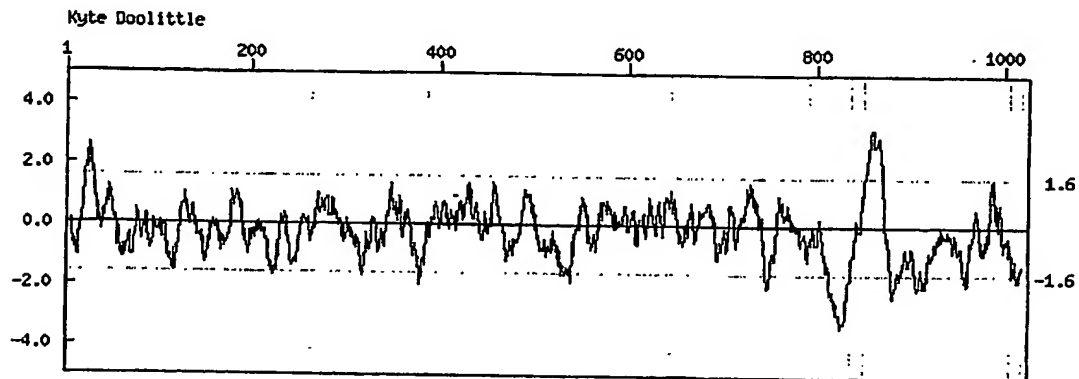
【図 1】



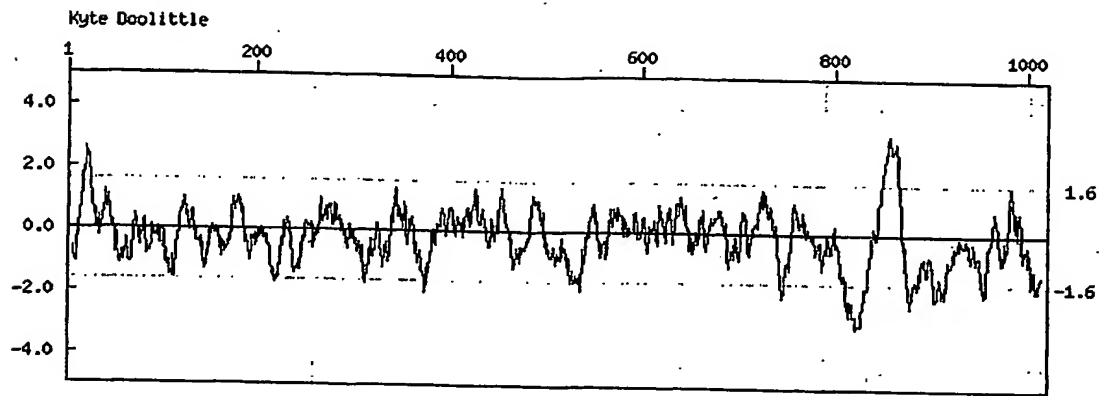
【図 2】



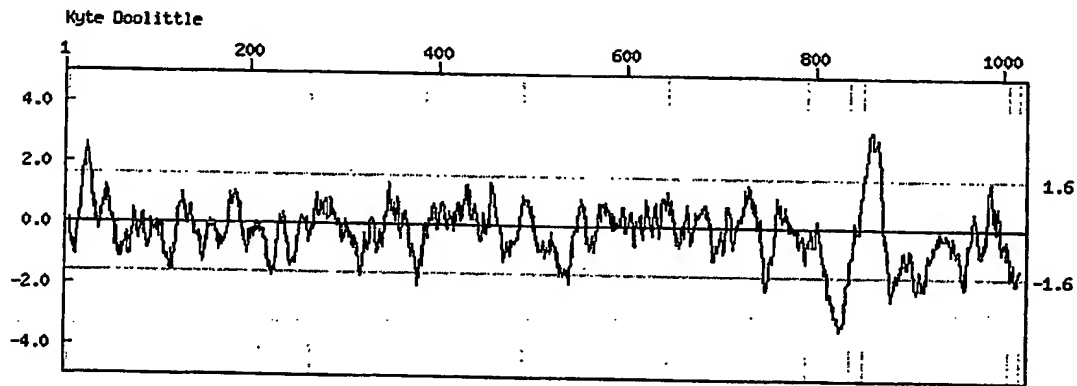
【図 3】



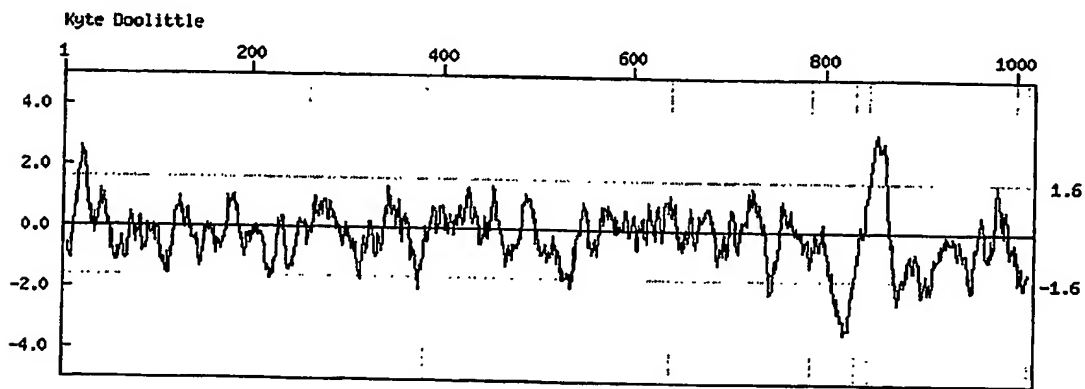
【図 4】



【図 5】



【図 6】



【書類名】 要約書

【要約】

【課題】 癌の予防・治療剤などの提供。

【解決手段】 配列番号：1、配列番号：4、配列番号：7、配列番号：10、配列番号：15、配列番号：17、配列番号：20、配列番号：22、配列番号：25または配列番号：27で表されるアミノ酸配列と同一もしくは実質的に同一のアミノ酸配列を有するタンパク質の活性を阻害する化合物またはその塩、該タンパク質の遺伝子の発現を阻害する化合物、該タンパク質またはその部分ペプチドをコードするDNAの塩基配列に相補的もしくは実質的に相補的な塩基配列またはその一部を含有するアンチセンスポリヌクレオチド、該タンパク質またはその部分ペプチドに対する抗体などは、癌などの予防・治療剤として有用である。

【選択図】 なし

特願 2002-363108

出 願 人 履 歴 情 報

識別番号

[000002934]

1. 変更年月日

1992年 1月22日

[変更理由]

住所変更

住 所

大阪府大阪市中央区道修町四丁目1番1号

氏 名

武田薬品工業株式会社